

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

| | | |
|---|-----------|---|
| (51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/00 | A2 | (11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47655 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99) |
| (21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00909 (22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99) (30) Prioritätsdaten: 198 13 835.0 20. März 1998 (20.03.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE). | | (81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i> |
| (54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM NORMAL BREAST TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTNORMALGEWEBE (57) Abstract <p>The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences from breast tissue, coding for genetic products or parts thereof and to the use thereof. The invention also relates to polypeptides which can be obtained from said sequences and to the use thereof.</p> (57) Zusammenfassung <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p> | | |

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

| | | | | | | | |
|----|------------------------------|----|-----------------------------|----|-----------------------------|----|------------------------|
| AL | Albanien | ES | Spanien | LS | Lesotho | SI | Slowenien |
| AM | Armenien | FI | Finnland | LT | Litauen | SK | Slowakei |
| AT | Österreich | FR | Frankreich | LU | Luxemburg | SN | Senegal |
| AU | Australien | GA | Gabun | LV | Lettland | SZ | Swasiland |
| AZ | Aserbaidshan | GB | Vereinigtes Königreich | MC | Monaco | TD | Tschad |
| BA | Bosnien-Herzegowina | GE | Georgien | MD | Republik Moldau | TG | Togo |
| BB | Barbados | GH | Ghana | MG | Madagaskar | TJ | Tadschikistan |
| BE | Belgien | GN | Guinea | MK | Die ehemalige jugoslawische | TM | Turkmenistan |
| BF | Burkina Faso | GR | Griechenland | | Republik Mazedonien | TR | Türkei |
| BG | Bulgarien | HU | Ungarn | ML | Mali | TT | Trinidad und Tobago |
| BJ | Benin | IE | Irland | MN | Mongolei | UA | Ukraine |
| BR | Brasilien | IL | Israel | MR | Mauretanien | UG | Uganda |
| BY | Belarus | IS | Island | MW | Malawi | US | Vereinigte Staaten von |
| CA | Kanada | IT | Italien | MX | Mexiko | | Amerika |
| CF | Zentralafrikanische Republik | JP | Japan | NE | Niger | UZ | Usbekistan |
| CG | Kongo | KE | Kenia | NL | Niederlande | VN | Vietnam |
| CH | Schweiz | KG | Kirgisistan | NO | Norwegen | YU | Jugoslawien |
| CI | Côte d'Ivoire | KP | Demokratische Volksrepublik | NZ | Neuseeland | ZW | Zimbabwe |
| CM | Kamerun | | Korea | PL | Polen | | |
| CN | China | KR | Republik Korea | PT | Portugal | | |
| CU | Kuba | KZ | Kasachstan | RO | Rumänien | | |
| CZ | Tschechische Republik | LC | St. Lucia | RU | Russische Föderation | | |
| DE | Deutschland | LI | Liechtenstein | SD | Sudan | | |
| DK | Dänemark | LK | Sri Lanka | SE | Schweden | | |
| EE | Estland | LR | Liberia | SG | Singapur | | |

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.

15

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

20

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.

25

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

30

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

35

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.

45

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 hybridisieren.

50

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

- 10 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.

- 15 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.

- 20 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID 178 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- 25 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

- 40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 enthalten.

- 45 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- 50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 179, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

| | | |
|----|----------------|---|
| 5 | Nukleinsäuren= | Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen). |
| | ORF = | Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann. |
| | Contig= | Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus). |
| 10 | Singleton= | Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält. |
| | Modul = | Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt |
| 15 | | |
| | N = | wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C |
| 20 | X = | wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren |

Erklärung zu den Alignmentparametern

| | | |
|----|---------------------------|--|
| 25 | minimal initial match= | minimaler anfänglicher Identitätsbereich |
| | maximum pads per read= | maximale Anzahl von Insertionen |
| | maximum percent mismatch= | maximale Abweichung in % |

30

Erklärung der Abbildungen

| | | |
|----|--------------|--|
| | Fig. 1 | zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank. |
| 35 | Fig. 2a | zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung |
| | Fig. 2b1-2b4 | zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung |
| 40 | Fig. 3 | zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben |
| | Fig. 4a | zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern. |
| 45 | Fig. 4b | zeigt den elektronischen Northern |
| | Fig. 5 | zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen. |

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-

15

Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden

20

Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert.

25

Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es

35

wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.) Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme,

40

wurden selbst entwickelt. Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 15 | Blase | 0.0139 | 0.0102 | 1.3639 | 0.7332 |
| | Brust | 0.0919 | 0.0044 | 21.0995 | 0.0474 |
| | Eierstock | 0.0091 | 0.0104 | 0.8765 | 1.1409 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0146 | 0.0027 | 5.3582 | 0.1866 |
| | Gastrointestinal | 0.0213 | 0.0048 | 4.4784 | 0.2233 |
| 20 | Gehirn | 0.1941 | 0.1358 | 1.4296 | 0.6995 |
| | Haematopoetisch | 0.0056 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0995 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.2405 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Hoden | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0324 | 0.0142 | 2.2824 | 0.4381 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0230 | 0.4200 | 2.3811 |
| | Muskel-Skelett | 0.1456 | 0.0180 | 8.0893 | 0.1236 |
| | Niere | 0.0327 | 0.1643 | 0.1990 | 5.0254 |
| 30 | Pankreas | 0.0038 | 0.0055 | 0.6857 | 1.4584 |
| | Penis | 0.0539 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0238 | 0.0149 | 1.5980 | 0.6258 |
| | Uterus | 0.0363 | 0.0356 | 1.0212 | 0.9793 |
| 35 | Brust-Hyperplasie | 0.0291 | | | |
| | Duennndarm | 0.0156 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 40 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| 45 | Gastrointestinal | 0.0031 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.1063 | | | |
| | Lunge | 0.0074 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 50 | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0419 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 55 | Brust | 0.2925 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0183 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0379 | | | |
| 60 | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0874 | | | |
| | Hoden | 0.0234 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0462 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0321 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0542 | | | |

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.

Das Ergebnis ist wie folgt:
Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 15 | Blase | 0.0186 | 0.0026 | 7.2739 | 0.1375 |
| | Brust | 0.0666 | 0.0044 | 15.2895 | 0.0654 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0347 | 0.0436 | 0.7954 | 1.2573 |
| | Gastrointestinal | 0.0078 | 0.0095 | 0.8143 | 1.2281 |
| 20 | Gehirn | 0.0288 | 0.0077 | 3.7599 | 0.2660 |
| | Haematopoetisch | 0.0028 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0497 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0498 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0125 | 0.0095 | 1.3168 | 0.7594 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0420 | 0.2039 | 4.9036 |
| | Niere | 0.0178 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 30 | Pankreas | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 35 | Brust-Hyperplasie | 0.0799 | | | |
| | Duenn darm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 40 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0070 | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0031 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0313 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0074 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 50 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| 55 | Brust | 0.0272 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0068 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0099 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0156 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0120 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes „frizzled-related protein“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 15 | Blase 0.0511 | 0.0026 | 20.00330 | 0.0500 |
| | Brust 0.0533 | 0.0044 | 12.23160 | 0.0818 |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0078 | 0.3895 | 2.5671 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0128 | 0.0027 | 4.6885 | 0.2133 |
| | Gastrointestinal 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn 0.0059 | 0.0099 | 0.6021 | 1.6609 |
| 20 | Haematopoetisch 0.0014 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0348 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0149 | 0.0065 | 2.2954 | 0.4356 |
| | Herz 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden 0.0061 | 0.0117 | 0.5224 | 1.9144 |
| 25 | Lunge 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett 0.0120 | 0.0240 | 0.4996 | 2.0015 |
| | Niere 0.0535 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Penis 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0048 | 0.0085 | 0.5593 | 1.7879 |
| | Uterus 0.0231 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.1126 | | | |
| | Duennndarm 0.0156 | | | |
| 35 | Prostata-Hyperplasie 0.0059 | | | |
| | Samenblase 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung 0.0615 | | | |
| | Gastrointestinal 0.0031 | | | |
| | Gehirn 0.0000 | | | |
| 45 | Haematopoetisch 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefasse 0.0573 | | | |
| | Lunge 0.0037 | | | |
| | Niere 0.0000 | | | |
| | Prostata 0.0249 | | | |
| 50 | Sinnesorgane 0.0279 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| 55 | Brust 0.0340 | | | |
| | Eierstock-Uterus 0.0205 | | | |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | | | |
| | Foetal 0.0117 | | | |
| | Gastrointestinal 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch 0.0000 | | | |
| 60 | Haut-Muskel 0.0194 | | | |
| | Hoden 0.0000 | | | |
| | Lunge 0.0000 | | | |
| | Nerven 0.0161 | | | |
| | Prostata 0.0000 | | | |
| 65 | Sinnesorgane 0.0000 | | | |

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

| | | | | | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| 5 | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| | Blase | 0.0139 | 0.0179 | 0.7793 | 1.2831 |
| | Brust | 0.0160 | 0.0022 | 7.3390 | 0.1363 |
| 10 | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5843 | 1.7114 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0036 | 0.0109 | 0.3349 | 2.9861 |
| | Gastrointestinal | 0.0039 | 0.0238 | 0.1629 | 6.1405 |
| | Gehirn | 0.0102 | 0.0088 | 1.1612 | 0.8612 |
| | Haematopoetisch | 0.0070 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0137 | 0.0771 | 12.9744 |
| | Hoden | 0.0122 | 0.0117 | 1.0447 | 0.9572 |
| | Lunge | 0.0037 | 0.0071 | 0.5267 | 1.8986 |
| 20 | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0120 | 0.8565 | 1.1675 |
| | Niere | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Prostata | 0.0048 | 0.0128 | 0.3729 | 2.6818 |
| | Uterus | 0.0066 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0109 | | | |
| | Duenndarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0154 | | | |
| | Gehirn | 0.0313 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0041 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0371 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0068 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| 55 | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0078 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 60 | Prostata | 0.0128 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0036 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0143 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0093 | 0.0044 | 2.1288 | 0.4698 |
| | Haematopoetisch | 0.0014 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0099 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0037 | 0.0024 | 1.5801 | 0.6329 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0030 | 0.0068 | 0.4342 | 2.3033 |
| | Pankreas | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0071 | 0.0064 | 1.1186 | 0.8939 |
| | Uterus | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| | Duennndarm | 0.0093 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0044 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0031 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0037 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0140 | | | |
| 45 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 50 | Eierstock-Uterus | 0.0205 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0052 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0050 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhältnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--|-------------|--|--------------|--------|
| | | %Häufigkeit | | %Häufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0046 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.1066 | | 0.0065 | | 16.308 | 0.0613 |
| | Eierstock | 0.0030 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0034 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0056 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0448 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0095 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0034 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0059 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0038 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | | 0.0021 | | 0.0000 | undef |
| | Uterus | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0400 | | | | | |
| | Duennndarm | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | FOETUS | | | | | |
| | | %Häufigkeit | | | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| 40 | Herz-Blutgefäesse | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | | %Häufigkeit | | | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | | | |
| 50 | Eierstock-Uterus | 0.0000 | | | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0133 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0018 | 0.0054 | 0.3349 | 2.9861 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0078 | 0.0048 | 1.6285 | 0.6141 |
| | Gehirn | 0.0034 | 0.0022 | 1.5482 | 0.6459 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0099 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0025 | 0.0024 | 1.0534 | 0.9493 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0089 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0024 | 0.0021 | 1.1186 | 0.8939 |
| | Uterus | 0.0033 | 0.0214 | 0.1547 | 6.4632 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0073 | | | |
| | Duennndarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0154 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0160 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0017 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 55 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0064 |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0155 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0790 | 0.0435 | 1.8185 | 0.5499 |
| | Brust | 0.0187 | 0.0020 | 8.5621 | 0.1168 |
| | Eierstock | 0.0122 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0027 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0329 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0085 | 0.0033 | 2.5804 | 0.3875 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0212 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0122 | 0.0117 | 1.0447 | 0.9572 |
| | Lunge | 0.0025 | 0.0071 | 0.3511 | 2.8478 |
| | Magen-Speiserohre | 0.1159 | 0.0383 | 3.0238 | 0.3307 |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0240 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0898 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0262 | 0.0192 | 1.3672 | 0.7314 |
| | Uterus | 0.0099 | 0.0427 | 0.2321 | 4.3088 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0291 | | | |
| | Duennndarm | 0.0530 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | |
| | Samenblase | 0.0445 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0092 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0041 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 50 | Eierstock-Uterus | 0.0160 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0017 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Prostata | 0.0064 | | | |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0107 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0027 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0099 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0059 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Duennndarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0476 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0080 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--|--------------|--|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Brust | 0.0067 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0073 | | 0.0054 | | 1.3396 | 0.7465 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | | 0.0048 | | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0144 | | 0.0110 | | 1.3160 | 0.7599 |
| | Haematopoetisch | 0.0014 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | | 0.0065 | | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0042 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | | 0.0117 | | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0025 | | 0.0095 | | 0.2634 | 3.7971 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | | 0.0060 | | 0.5710 | 1.7513 |
| 20 | Niere | 0.0030 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0019 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0060 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0048 | | 0.0149 | | 0.3196 | 3.1288 |
| | Uterus | 0.0033 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | |
| | Duennndarm | 0.0093 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | FOETUS | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0123 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| 40 | Herz-Blutgefasse | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| 50 | Eierstock-Uterus | 0.0091 | | | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0114 | | | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Nerven | 0.0080 | | | | | |
| | Prostata | 0.0128 | | | | | |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 65 | | | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0093 | 0.0022 | 4.2811 | 0.2336 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0104 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0037 | 0.0024 | 1.5801 | 0.6329 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0024 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0073 | | | |
| 25 | Duennndarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| 40 | Lunge | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0023 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| 50 | Foetal | 0.0035 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0032 |
| | Hoden | 0.0000 |
| 55 | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0030 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0232 |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0093 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0080 | 0.0022 | 3.6695 | 0.2725 |
| | Eierstock | 0.0091 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0128 | 0.0054 | 2.3442 | 0.4266 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0048 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0042 | 0.0022 | 1.9353 | 0.5167 |
| | Haematopoetisch | 0.0014 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0012 | 0.0024 | 0.5267 | 1.8986 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0060 | 0.8565 | 1.1675 |
| | Niere | 0.0030 | 0.0137 | 0.2171 | 4.6066 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0083 | 0.0356 | 0.2321 | 4.3088 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0073 | | | |
| | Duennndarm | 0.0125 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0044 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0154 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0092 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0164 | | | |
| | Lunge | 0.0074 | | | |
| | Niere | 0.0185 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 50 | Eierstock-Uterus | 0.0046 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0128 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0064 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

| | | NORMAL | TUMOR | Vernaelttnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|----------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0046 | 0.0051 | 0.9092 | 1.0998 |
| | Brust | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0036 | 0.0027 | 1.3396 | 0.7465 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0017 | 0.0022 | 0.7741 | 1.2918 |
| | Haematopoetisch | 0.0014 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0183 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0012 | 0.0024 | 0.5267 | 1.8986 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0095 | 0.0043 | 2.2373 | 0.4470 |
| | Uterus | 0.0017 | 0.0071 | 0.2321 | 4.3088 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0073 | | | |
| | Duennndarm | 0.0062 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0154 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0041 | | | |
| | Lunge | 0.0074 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0046 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0140 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0285 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0291 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| | Prostata | 0.0064 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 60 | | | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0093 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0187 | 0.0022 | 8.5621 | 0.1168 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gehirn | 0.0076 | 0.0011 | 6.9669 | 0.1435 |
| | Haematopoetisch | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0053 | 0.0137 | 0.3854 | 2.5949 |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0025 | 0.0071 | 0.3511 | 2.8478 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0059 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0024 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| | Duenn darm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0125 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0074 | | | |
| | Niere | 0.0185 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0140 | | | |
| | | | | | |
| 45 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| 50 | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 60 | | | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0232 | 0.0026 | 9.0924 | 0.1100 |
| | Brust | 0.0306 | 0.0044 | 7.0332 | 0.1422 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0027 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0252 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0017 | 0.0011 | 1.5462 | 0.6459 |
| | Haematopoetisch | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0249 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0148 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0037 | 0.0024 | 1.5801 | 0.6329 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0274 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4492 | 2.2260 |
| | Prostata | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0132 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0291 | | | |
| | Duennndarm | 0.0062 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0123 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0041 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Niere | 0.0062 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0068 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0047 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

| | | NORMAL | TUMOR | Vergleichenisse | |
|----|------------------------|-------------|-------------|-----------------|--------|
| | | %Häufigkeit | %Häufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0227 | 0.0044 | 5.1984 | 0.1924 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0095 | 0.2036 | 4.9124 |
| 10 | Gehirn | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0149 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0012 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2855 | 3.5025 |
| | Niere | 0.0059 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| 25 | Duendarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|-------------|
| | | %Häufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| 40 | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Häufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0544 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0041 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 55 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0030 |
| | Prostata | 0.0064 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

| | | NORMAL | TUMOR | Vernaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0046 | 0.0026 | 1.8185 | 0.5499 |
| | Brust | 0.0133 | 0.0022 | 6.1158 | 0.1635 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0036 | 0.0027 | 1.3396 | 0.7465 |
| | Gastrointestinal | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gehirn | 0.0008 | 0.0033 | 0.2580 | 3.8754 |
| | Haematopoetisch | 0.0014 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0060 | 1.1420 | 0.8756 |
| | Niere | 0.0149 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0024 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0033 | 0.0071 | 0.4642 | 2.1544 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| 25 | Duenn darm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0031 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0041 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0037 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 45 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0046 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | |
| | Foetal | 0.0198 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Prostata | 0.0192 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 60 | | | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0139 | 0.0153 | 0.9092 | 1.0998 |
| | Brust | 0.0173 | 0.0022 | 7.9505 | 0.1258 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0018 | 0.0027 | 0.6698 | 1.4930 |
| | Gastrointestinal | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gehirn | 0.0085 | 0.0142 | 0.5955 | 1.6794 |
| | Haematopoetisch | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0298 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0106 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0037 | 0.0071 | 0.5267 | 1.8986 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0178 | 0.0068 | 2.6050 | 0.3839 |
| 20 | Pankreas | 0.0019 | 0.0055 | 0.3428 | 2.9168 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0533 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0048 | 0.0021 | 2.2373 | 0.4470 |
| | Uterus | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0327 | | | |
| 25 | Duennndarm | 0.0062 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0244 | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0074 | | | |
| 40 | Niere | 0.0062 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0279 | | | |
| 45 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0023 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0050 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 60 | | | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0093 | 0.0102 | 0.9092 | 1.0998 |
| | Brust | 0.0267 | 0.0087 | 3.0579 | 0.3270 |
| | Eierstock | 0.0091 | 0.0156 | 0.5843 | 1.7114 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0128 | 0.0082 | 1.5628 | 0.6399 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0174 | 0.0095 | 1.8321 | 0.5458 |
| | Gehirn | 0.0127 | 0.0153 | 0.8294 | 1.2057 |
| | Haematopoetisch | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0149 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0149 | 0.0194 | 0.7651 | 1.3069 |
| 15 | Herz | 0.0085 | 0.0137 | 0.6166 | 1.6218 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0212 | 0.0189 | 1.1193 | 0.8934 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0240 | 0.0120 | 1.9985 | 0.5004 |
| 20 | Niere | 0.0119 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0114 | 0.0166 | 0.6857 | 1.4584 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0267 | 0.3369 | 2.9680 |
| | Prostata | 0.0191 | 0.0298 | 0.6392 | 1.5644 |
| | Uterus | 0.0149 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0109 | | | |
| | Duenn darm | 0.0093 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0113 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0247 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0074 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0160 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | |
| | Foetal | 0.0245 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0227 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0211 | | | |
| | Prostata | 0.0256 | | | |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0093 | 0.0026 | 3.6370 | 0.2750 |
| | Brust | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0036 | 0.0082 | 0.4465 | 2.2395 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0120 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0028 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0077 | 2.5198 | 0.3968 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0019 | 0.0055 | 0.3428 | 2.9168 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0048 | 0.0085 | 0.5593 | 1.7879 |
| | Uterus | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0073 | | | |
| | Duennndarm | 0.0062 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0092 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0041 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0037 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0114 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0087 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0156 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| | Prostata | 0.0128 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 60 | | | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------|--------------|---------|---------------|-----|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0093 | 0.0026 | 3.6370 | 0.2750 | | |
| | Brust | 0.0293 | 0.0087 | 3.3637 | 0.2973 | | |
| | Eierstock | 0.0091 | 0.0156 | 0.5843 | 1.7114 | | |
| | Endokrines Gewebe | 0.0091 | 0.0054 | 1.6745 | 0.5972 | | |
| | Gastrointestinal | 0.0155 | 0.0190 | 0.8143 | 1.2281 | | |
| 10 | Gehirn | 0.0008 | 0.0077 | 0.1106 | 9.0427 | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Haut | 0.0249 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Hepatisch | 0.0050 | 0.0194 | 0.2550 | 3.9208 | | |
| | Herz | 0.0053 | 0.0550 | 0.0963 | 10.3795 | | |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Lunge | 0.0075 | 0.0071 | 1.0534 | 0.9493 | | |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0060 | 3.1406 | 0.3184 | | |
| | Niere | 0.0119 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| 20 | Pankreas | 0.0095 | 0.0276 | 0.3428 | 2.9168 | | |
| | Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Prostata | 0.0119 | 0.0128 | 0.9322 | 1.0727 | | |
| | Uterus | 0.0116 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0145 | | | | | |
| 25 | Duennndarm | 0.0093 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0470 | | | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | | |

| | | FOETUS | |
|----|-------------------|--------------|--|
| | | %Haeufigkeit | |
| 35 | Entwicklung | 0.0154 | |
| | Gastrointestinal | 0.0092 | |
| | Gehirn | 0.0000 | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0164 | |
| 40 | Lunge | 0.0000 | |
| | Niere | 0.0062 | |
| | Prostata | 0.0249 | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|----|-------------------|-------------------------------------|--|
| | | %Haeufigkeit | |
| 45 | Brust | 0.0068 | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0183 | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| 50 | Foetal | 0.0105 | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | |
| | Haut-Muskel | 0.0194 | |
| | Hoden | 0.0000 | |
| 55 | Lunge | 0.0000 | |
| | Nerven | 0.0020 | |
| | Prostata | 0.0192 | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0139 | 0.0077 | 1.8185 | 0.5499 |
| | Brust | 0.0227 | 0.0044 | 5.1984 | 0.1924 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0156 | 0.1948 | 5.1343 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0109 | 0.0054 | 2.0093 | 0.4977 |
| | Gastrointestinal | 0.0136 | 0.0143 | 0.9500 | 1.0527 |
| 10 | Gehirn | 0.0059 | 0.0033 | 1.8062 | 0.5536 |
| | Haematopoetisch | 0.0028 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0064 | 0.0137 | 0.4624 | 2.1624 |
| 15 | Hoden | 0.0366 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0307 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas | 0.0038 | 0.0055 | 0.6857 | 1.4584 |
| | Penis | 0.0210 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0024 | 0.0106 | 0.2237 | 4.4697 |
| | Uterus | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0073 | | | |
| | Duenn darm | 0.0218 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0123 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0041 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0037 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0272 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0046 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| 50 | Foetal | 0.0070 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0285 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0156 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0100 | | | |
| | Prostata | 0.0256 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0093 | 0.0128 | 0.7274 | 1.3748 |
| | Brust | 0.0200 | 0.0044 | 4.5868 | 0.2180 |
| | Eierstock | 0.0091 | 0.0078 | 1.1686 | 0.8557 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0018 | 0.0191 | 0.0957 | 10.4512 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0116 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0110 | 0.0197 | 0.5591 | 1.7887 |
| | Haematopoetisch | 0.0070 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0099 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0137 | 0.1541 | 6.4872 |
| | Hoden | 0.0061 | 0.0117 | 0.5224 | 1.9144 |
| | Lunge | 0.0075 | 0.0118 | 0.6321 | 1.5821 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0240 | 0.0714 | 14.0102 |
| | Niere | 0.0149 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0019 | 0.0055 | 0.3428 | 2.9168 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0238 | 0.0192 | 1.2429 | 0.8046 |
| | Uterus | 0.0116 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| | Duennndarm | 0.0125 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointenstinal | 0.0092 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0157 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefasse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0074 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 45 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0068 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0192 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0234 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0131 | | | |
| | Prostata | 0.0064 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 60 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0147 | 0.0022 | 6.7274 | 0.1486 |
| | Eierstock | 0.0091 | 0.0052 | 1.7529 | 0.5705 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0027 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0048 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0008 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0056 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Duennndarm | 0.0000 | | | |
| 30 | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0154 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Niere | 0.0062 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0279 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0041 |
| 55 | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| 60 | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0227 | 0.0022 | 10.3969 | 0.0962 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Duennndarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| 40 | Lunge | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0017 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 55 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

| 5 | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| | Blase | 0.0325 | 0.0077 | 4.2431 | 0.2357 |
| | Brust | 0.0386 | 0.0065 | 5.9119 | 0.1691 |
| | Eierstock | 0.0122 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0036 | 0.0027 | 1.3396 | 0.7465 |
| | Gastrointestinal | 0.0058 | 0.0048 | 1.2214 | 0.8187 |
| | Gehirn | 0.0110 | 0.0033 | 3.3545 | 0.2981 |
| | Haematopoetisch | 0.0140 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0149 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hepatisch | 0.0099 | 0.0065 | 1.5303 | 0.6535 |
| | Herz | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0122 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0112 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0230 | 0.8399 | 1.1905 |
| | Muskel-Skelett | 0.0137 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0019 | 0.0110 | 0.1714 | 5.8337 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Prostata | 0.0071 | 0.0021 | 3.3559 | 0.2980 |
| | Uterus | 0.0165 | 0.0071 | 2.3208 | 0.4309 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| | Duenn darm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| FOETUS | | | | | |
| 35 | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0062 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefasse | 0.0041 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0544 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0114 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 55 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 60 | Prostata | 0.0128 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0046 | 0.0077 | 0.6062 | 1.6497 |
| | Brust | 0.1053 | 0.0131 | 8.0525 | 0.1242 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0058 | 0.0048 | 1.2214 | 0.8187 |
| 10 | Gehirn | 0.0059 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0084 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0348 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0099 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0201 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0012 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0223 | 0.0240 | 0.9279 | 1.0777 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Pankreas | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0024 | 0.0043 | 0.5593 | 1.7879 |
| | Uterus | 0.0083 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0618 | | | |
| 25 | Duennndarm | 0.0093 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0062 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 40 | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.1632 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0227 | 0.0044 | 5.1984 | 0.1924 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0039 | 0.0048 | 0.8143 | 1.2281 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0099 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0099 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0037 | 0.0047 | 0.7901 | 1.2657 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0154 | 0.0060 | 2.5696 | 0.3892 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0191 | 0.0043 | 4.4745 | 0.2235 |
| 25 | Uterus | 0.0017 | 0.0427 | 0.0387 | 25.8527 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| | Duenn darm | 0.0125 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0031 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| 40 | Lunge | 0.0185 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0068 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| 55 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0020 |
| 60 | Prostata | 0.0128 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

| | | NORMAL | TUMOR | Vernaelttnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|----------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0325 | 0.0051 | 6.3647 | 0.1571 |
| | Brust | 0.0267 | 0.0065 | 4.0772 | 0.2453 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0026 | 1.1686 | 0.8557 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0146 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0039 | 0.0095 | 0.4071 | 2.4562 |
| | Gehirn | 0.0068 | 0.0307 | 0.2212 | 4.5213 |
| | Haematopoetisch | 0.0028 | 0.0378 | 0.0739 | 13.5274 |
| | Haut | 0.0149 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0198 | 0.0129 | 1.5303 | 0.6535 |
| 15 | Herz | 0.1303 | 0.3299 | 0.3950 | 2.5316 |
| | Hoden | 0.0183 | 0.0351 | 0.5224 | 1.9144 |
| | Lunge | 0.0174 | 0.0118 | 1.4748 | 0.6781 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0460 | 0.2100 | 4.7622 |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0300 | 0.6281 | 1.5921 |
| 20 | Niere | 0.0119 | 0.0479 | 0.2481 | 4.0308 |
| | Pankreas | 0.0057 | 0.0055 | 1.0285 | 0.9723 |
| | Penis | 0.0180 | 0.0267 | 0.6739 | 1.4840 |
| | Prostata | 0.0143 | 0.0021 | 6.7118 | 0.1490 |
| | Uterus | 0.0149 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0327 | | | |
| | Duenndarm | 0.0093 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.1058 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0031 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| 40 | Lunge | 0.0074 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0977 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0408 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0137 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0122 |
| | Gastrointestinal | 0.0244 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0032 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0246 |
| | Nerven | 0.0090 |
| | Prostata | 0.0000 |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0852 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0253 | 0.0044 | 5.8100 | 0.1721 |
| | Eierstock | 0.0152 | 0.0338 | 0.4495 | 2.2249 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0109 | 0.0054 | 2.0093 | 0.4977 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0136 | 0.0044 | 3.0964 | 0.3230 |
| | Haematopoetisch | 0.0098 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0099 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0024 | 2.6336 | 0.3797 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0030 | 0.0068 | 0.4342 | 2.3033 |
| | Pankreas | 0.0019 | 0.0110 | 0.1714 | 5.8337 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0095 | 0.0064 | 1.4915 | 0.6705 |
| | Uterus | 0.0083 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| | Duennndarm | 0.0093 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0096 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0123 | | | |
| | Gehirn | 0.0188 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0082 | | | |
| | Lunge | 0.0111 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 50 | Eierstock-Uterus | 0.0023 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0099 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0227 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0070 | | | |
| | Prostata | 0.0064 | | | |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0200 | 0.0022 | 9.1737 | 0.1090 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0058 | 0.0048 | 1.2214 | 0.8187 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0056 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0249 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0038 | 0.0055 | 0.6857 | 1.4584 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0254 | | | |
| | Duennndarm | 0.0125 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestenstinal | 0.0031 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefaessee | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 45 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0064 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0186 | 0.0077 | 2.4246 | 0.4124 |
| | Brust | 0.0293 | 0.0087 | 3.3637 | 0.2973 |
| | Eierstock | 0.0091 | 0.0234 | 0.3895 | 2.5671 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0091 | 0.0327 | 0.2791 | 3.5833 |
| | Gastrointestinal | 0.0116 | 0.0143 | 0.8143 | 1.2281 |
| 10 | Gehirn | 0.0110 | 0.0110 | 1.0063 | 0.9937 |
| | Haematopoetisch | 0.0112 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0199 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0149 | 0.0065 | 2.2954 | 0.4356 |
| | Herz | 0.0392 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0122 | 0.0117 | 1.0447 | 0.9572 |
| | Lunge | 0.0224 | 0.0071 | 3.1603 | 0.3164 |
| | Magen-Speiseroenre | 0.0097 | 0.0230 | 0.4200 | 2.3811 |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0300 | 0.6281 | 1.5921 |
| 20 | Niere | 0.0119 | 0.0137 | 0.8683 | 1.1517 |
| | Pankreas | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0267 | 0.5615 | 1.7808 |
| | Prostata | 0.0238 | 0.0128 | 1.8644 | 0.5364 |
| | Uterus | 0.0198 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0182 | | | |
| 25 | Duendarm | 0.0125 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0252 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0154 |
| | Gastrointestinal | 0.0092 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0157 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0245 |
| 40 | Lunge | 0.0074 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0997 |
| | Sinnesorgane | 0.0279 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0297 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0251 |
| | Gastrointestinal | 0.0732 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| | Haut-Muskel | 0.0615 |
| 55 | Hoden | 0.0234 |
| | Lunge | 0.0164 |
| | Nerven | 0.0171 |
| | Prostata | 0.0192 |
| | Sinnesorgane | 0.0232 |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0091 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0109 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gehirn | 0.0008 | 0.0033 | 0.2580 | 3.8754 |
| | Haematopoetisch | 0.0028 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0075 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0386 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0120 | 0.1428 | 7.0051 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Pankreas | 0.0019 | 0.0055 | 0.3428 | 2.9168 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0024 | 0.0043 | 0.5593 | 1.7879 |
| | Uterus | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 25 | Duenndarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0062 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0079 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0074 |
| 40 | Niere | 0.0124 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0140 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0091 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| 50 | Foetal | 0.0227 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0097 |
| | Hoden | 0.0000 |
| 55 | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0030 |
| | Prostata | 0.0128 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0093 | 0.0077 | 1.2123 | 0.8249 |
| | Brust | 0.0133 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0078 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0018 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0097 | 0.0095 | 1.0178 | 0.9825 |
| 10 | Gehirn | 0.0025 | 0.0099 | 0.2580 | 3.8754 |
| | Haematopoetisch | 0.0084 | 0.0378 | 0.2218 | 4.5091 |
| | Haut | 0.0099 | 0.0847 | 0.1175 | 8.5131 |
| | Hepatisch | 0.0099 | 0.0065 | 1.5303 | 0.6535 |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0100 | 0.0095 | 1.0534 | 0.9493 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0343 | 0.0060 | 5.7101 | 0.1751 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0137 | 0.0000 | undef |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0071 | 0.0043 | 1.6779 | 0.5960 |
| | Uterus | 0.0033 | 0.0071 | 0.4642 | 2.1544 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 25 | Duennaarm | 0.0062 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0209 | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0160 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0735 | | | |
| | Foetal | 0.0140 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0366 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0128 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 60 | | | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0213 | 0.0044 | 4.8926 | 0.2044 |
| | Eierstock | 0.0091 | 0.0182 | 0.5008 | 1.9967 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0091 | 0.0191 | 0.4784 | 2.0902 |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0190 | 0.1018 | 9.8248 |
| 10 | Gehirn | 0.0034 | 0.0066 | 0.5161 | 1.9377 |
| | Haematopoetisch | 0.0028 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0106 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0183 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0075 | 0.0095 | 0.7901 | 1.2657 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0059 | 0.0137 | 0.4342 | 2.3033 |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0150 | 0.1066 | 0.1404 | 7.1232 |
| | Prostata | 0.0119 | 0.0064 | 1.8644 | 0.5364 |
| | Uterus | 0.0182 | 0.0071 | 2.5529 | 0.3917 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0254 | | | |
| 25 | Duennndarm | 0.0093 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0031 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0204 |
| 40 | Lunge | 0.0370 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0279 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0087 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0130 |
| 55 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0164 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0128 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0046 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0227 | 0.0044 | 5.1984 | 0.1924 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0018 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0058 | 0.0048 | 1.2214 | 0.8187 |
| 10 | Gehirn | 0.0059 | 0.0011 | 5.4187 | 0.1845 |
| | Haematopoetisch | 0.0014 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0446 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0075 | 0.0071 | 1.0534 | 0.9493 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0307 | 0.3150 | 3.1748 |
| | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0208 | 0.0068 | 3.0391 | 0.3290 |
| 20 | Pankreas | 0.0038 | 0.0110 | 0.3428 | 2.9168 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0119 | 0.0106 | 1.1186 | 0.8939 |
| | Uterus | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0254 | | | |
| 25 | Duennndarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0383 | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetische | 0.0118 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0137 | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0122 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| 55 | Hoden | 0.0156 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0070 | | | |
| | Prostata | 0.0128 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 60 | | | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Duenndarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| 40 | Lunge | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 55 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0107 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0213 | 0.0026 | 8.1803 | 0.1222 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0054 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gehirn | 0.0212 | 0.0077 | 2.7647 | 0.3617 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0378 | 0.0000 | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0244 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0087 | 0.0047 | 1.8435 | 0.5424 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2855 | 3.5025 |
| | Niere | 0.0030 | 0.0068 | 0.4342 | 2.3033 |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus | 0.0033 | 0.0142 | 0.2321 | 4.3088 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| 25 | Duenndarm | 0.0031 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0062 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| 40 | Lunge | 0.0111 |
| | Niere | 0.0062 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| 50 | Foetal | 0.0047 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| 55 | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0050 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0155 |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0133 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0104 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gehirn | 0.0008 | 0.0011 | 0.7741 | 1.2918 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0071 | 0.0021 | 3.3559 | 0.2980 |
| | Uterus | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| | Duennndarm | 0.0031 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| 40 | Lunge | 0.0074 |
| | Niere | 0.0062 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0279 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0082 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0097 |
| 55 | Hoden | 0.0156 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0040 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------|--------------|--------|---------------|-----|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0186 | 0.0051 | 3.6370 | 0.2750 | | |
| | Brust | 0.0160 | 0.0044 | 3.6695 | 0.2725 | | |
| | Eierstock | 0.0061 | 0.0052 | 1.1686 | 0.8557 | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0201 | 0.1634 | 0.1228 | 8.1438 | | |
| | Gastrointestinal | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| 10 | Gehirn | 0.0305 | 0.0110 | 2.7868 | 0.3588 | | |
| | Haematopoetisch | 0.0014 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Herz | 0.0244 | 0.0275 | 0.8864 | 1.1282 | | |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Lunge | 0.0050 | 0.0047 | 1.0534 | 0.9493 | | |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0060 | 1.9985 | 0.5004 | | |
| | Niere | 0.0000 | 0.0205 | 0.0000 | undef | | |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef | | |
| | Penis | 0.0359 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Prostata | 0.0119 | 0.0149 | 0.7990 | 1.2515 | | |
| | Uterus | 0.0099 | 0.0071 | 1.3925 | 0.7181 | | |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0109 | | | | | |
| 25 | Duenndarm | 0.0093 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0353 | | | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | FOETUS | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0092 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | | | |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0082 | | | | | |
| 40 | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0140 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 45 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0046 | | | | | |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | | | |
| | Foetal | 0.0035 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0114 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | |
| 55 | Hoden | 0.0156 | | | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | | | |
| | Nerven | 0.0161 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0046 | 0.0051 | 0.9092 | 1.0998 |
| | Brust | 0.0306 | 0.0022 | 14.0663 | 0.0711 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0078 | 0.3895 | 2.5671 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0055 | 0.0027 | 2.0093 | 0.4977 |
| | Gastrointestinal | 0.0058 | 0.0238 | 0.2443 | 4.0937 |
| 10 | Gehirn | 0.0068 | 0.0022 | 3.0964 | 0.3230 |
| | Haematopoetisch | 0.0014 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0199 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0075 | 0.0047 | 1.5801 | 0.6329 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2855 | 3.5025 |
| 20 | Niere | 0.0030 | 0.0068 | 0.4342 | 2.3033 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0024 | 0.0043 | 0.5593 | 1.7879 |
| | Uterus | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0145 | | | |
| | Duennaarm | 0.0125 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0062 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| 40 | Lunge | 0.0074 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0137 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0052 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 55 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0128 |
| | Sinnesorgane | 0.0155 |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

| 5 | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0120 | 0.0022 | 5.5042 | 0.1817 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0104 | 0.2922 | 3.4228 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0055 | 0.0027 | 2.0093 | 0.4977 |
| | Gastrointestinal | 0.0058 | 0.0048 | 1.2214 | 0.8187 |
| | Gehirn | 0.0119 | 0.0131 | 0.9031 | 1.1073 |
| | Haematopoetisch | 0.0070 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0137 | 0.0000 | undef |
| | Hoden | 0.0183 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0037 | 0.0024 | 1.5801 | 0.6329 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2855 | 3.5025 |
| | Niere | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0024 | 0.0085 | 0.2797 | 3.5758 |
| 25 | Uterus | 0.0083 | 0.0142 | 0.5802 | 1.7235 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0073 | | | |
| | Duennndarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0044 | | | |
| | | | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0307 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0123 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | | | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0023 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0052 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0171 | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| | Hoden | 0.0078 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0271 | | | |
| | Prostata | 0.0192 | | | |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

| 5 | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| | Blase | 0.0232 | 0.0204 | 1.1366 | 0.8799 |
| | Brust | 0.0267 | 0.0087 | 3.0579 | 0.3270 |
| | Eierstock | 0.0304 | 0.0130 | 2.3372 | 0.4279 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0529 | 0.0735 | 0.7194 | 1.3901 |
| | Gastrointestinal | 0.0174 | 0.0048 | 3.6642 | 0.2729 |
| | Gehirn | 0.0170 | 0.0208 | 0.8148 | 1.2272 |
| | Haematopoetisch | 0.0070 | 0.0378 | 0.1848 | 5.4110 |
| | Haut | 0.0199 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hepatisch | 0.0198 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0180 | 0.0550 | 0.3276 | 3.0528 |
| | Hoden | 0.0122 | 0.0117 | 1.0447 | 0.9572 |
| | Lunge | 0.0249 | 0.0118 | 2.1069 | 0.4746 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0386 | 0.0153 | 2.5198 | 0.3968 |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0180 | 0.6662 | 1.5011 |
| | Niere | 0.0089 | 0.0068 | 1.3025 | 0.7678 |
| | Pankreas | 0.0170 | 0.0055 | 3.0855 | 0.3241 |
| | Penis | 0.0509 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0357 | 0.0149 | 2.3971 | 0.4172 |
| 25 | Uterus | 0.0297 | 0.0214 | 1.3925 | 0.7181 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Duenn darm | 0.0093 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | |
| | Samenblase | 0.0267 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0154 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0185 | | | |
| | Gehirn | 0.0125 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0491 | | | |
| | Lunge | 0.0037 | | | |
| | Niere | 0.0432 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0272 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0342 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0157 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0648 | | | |
| | Hoden | 0.0312 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0151 | | | |
| | Prostata | 0.0192 | | | |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0697 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0232 | 0.0102 | 2.2731 | 0.4399 |
| | Brust | 0.0240 | 0.0065 | 3.6695 | 0.2725 |
| | Eierstock | 0.0213 | 0.0416 | 0.5113 | 1.9559 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0237 | 0.0027 | 8.7071 | 0.1148 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0213 | 0.0381 | 0.5598 | 1.7863 |
| | Gehirn | 0.0136 | 0.0099 | 1.3762 | 0.7266 |
| | Haematopoetisch | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0248 | 0.0129 | 1.9129 | 0.5228 |
| 15 | Herz | 0.0191 | 0.0137 | 1.3873 | 0.7208 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0112 | 0.0095 | 1.1851 | 0.8438 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0060 | 0.8565 | 1.1675 |
| 20 | Niere | 0.0149 | 0.0205 | 0.7236 | 1.3820 |
| | Pankreas | 0.0076 | 0.0055 | 1.3713 | 0.7292 |
| | Penis | 0.0269 | 0.0267 | 1.0108 | 0.9893 |
| | Prostata | 0.0333 | 0.0170 | 1.9576 | 0.5108 |
| | Uterus | 0.0099 | 0.0071 | 1.3925 | 0.7181 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0145 | | | |
| | Duennndarm | 0.0343 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0139 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0062 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0082 |
| 40 | Lunge | 0.0000 |
| | Niere | 0.0062 |
| | Prostata | 0.0249 |
| | Sinnesorgane | 0.0140 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0137 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0023 |
| | Gastrointestinal | 0.0244 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0227 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0110 |
| | Prostata | 0.0385 |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0155 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

| 5 | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| | Blase | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0120 | 0.0022 | 5.5042 | 0.1817 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5843 | 1.7114 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0054 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0008 | 0.0033 | 0.2580 | 3.8754 |
| | Haematopoetisch | 0.0070 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0071 | 0.8779 | 1.1391 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0119 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus | 0.0033 | 0.0071 | 0.4642 | 2.1544 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| | Duenndarm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |

| 35 | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0236 |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0082 |
| | Lunge | 0.0074 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| 45 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| | Brust | 0.0000 |
| 50 | Eierstock-Uterus | 0.0046 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0023 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0130 |
| | Hoden | 0.0078 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0000 |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0232 | 0.0051 | 4.5462 | 0.2200 |
| | Brust | 0.0506 | 0.0044 | 11.62000 | 0.0861 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0036 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gehirn | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0028 | 0.0378 | 0.0739 | 13.5274 |
| | Haut | 0.0348 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0254 | 0.0137 | 1.8498 | 0.5406 |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0025 | 0.0071 | 0.3511 | 2.8478 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0240 | 0.0714 | 14.0102 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Pankreas | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0024 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0872 | | | |
| | Duendarm | 0.0093 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0044 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0062 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0157 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0082 |
| 40 | Lunge | 0.0074 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 45 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock-Uterus | 0.0023 |
| 50 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0035 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 55 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0064 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|--------|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0046 | 0.0077 | 0.6062 | 1.6497 |
| | Brust | 0.0253 | 0.0044 | 5.8100 | 0.1721 |
| | Eierstock | 0.0152 | 0.0312 | 0.4869 | 2.0537 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0146 | 0.0163 | 0.8930 | 1.1198 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0078 | 0.0048 | 1.6285 | 0.6141 |
| | Gehirn | 0.0170 | 0.0110 | 1.5482 | 0.6459 |
| | Haematopoetisch | 0.0056 | 0.0378 | 0.1478 | 6.7637 |
| | Haut | 0.0099 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0050 | 0.0065 | 0.7651 | 1.3069 |
| 15 | Herz | 0.0106 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0050 | 0.0118 | 0.4214 | 2.3732 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0300 | 0.0571 | 17.5127 |
| 20 | Niere | 0.0297 | 0.0205 | 1.4472 | 0.6910 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0048 | 0.0085 | 0.5593 | 1.7879 |
| | Uterus | 0.0198 | 0.0142 | 1.3925 | 0.7181 |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0327 | | | |
| | Duennndarm | 0.0125 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0154 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0123 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0123 | | | |
| | Lunge | 0.0259 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0140 | | | |
| 45 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 50 | Eierstock-Uterus | 0.0023 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0070 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0156 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0141 | | | |
| | Prostata | 0.0064 | | | |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0051 | 0.0033 | 1.5482 | 0.6459 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0037 | 0.0024 | 1.5801 | 0.6329 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0059 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Duenn darm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 50 | Eierstock-Uterus | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0105 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0100 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 60 | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | | | | | |
| 65 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | | | | | | | |
| | Blase | 0.0232 | | 0.0051 | | 4.5462 | 0.2200 |
| | Brust | 0.0173 | | 0.0044 | | 3.9753 | 0.2516 |
| 10 | Eierstock | 0.0091 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0055 | | 0.0163 | | 0.3349 | 2.9861 |
| | Gastrointestinal | 0.0039 | | 0.0048 | | 0.8143 | 1.2281 |
| | Gehirn | 0.0034 | | 0.0131 | | 0.2580 | 3.8754 |
| | Haematopoetisch | 0.0028 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0050 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | | 0.0129 | | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0053 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Lunge | 0.0062 | | 0.0047 | | 1.3168 | 0.7594 |
| 20 | Magen-Speiserohre | 0.0097 | | 0.0077 | | 1.2599 | 0.7937 |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0119 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0076 | | 0.0166 | | 0.4571 | 2.1876 |
| | Penis | 0.0150 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| 25 | Prostata | 0.0071 | | 0.0085 | | 0.8390 | 1.1919 |
| | Uterus | 0.0165 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0073 | | | | | |
| | Duenn darm | 0.0031 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | | | |
| 35 | | | | | | | |
| | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| 40 | Gastrointestinal | 0.0062 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0123 | | | | | |
| | Lunge | 0.0074 | | | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| 50 | | | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0091 | | | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0064 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | | | |
| | Hoden | 0.0156 | | | | | |
| 60 | Lunge | 0.0246 | | | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | | | |
| 65 | | | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

| 5 | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 10 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0107 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0027 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0078 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Gehirn | 0.0017 | 0.0055 | 0.3096 | 3.2295 |
| | Haematopoetisch | 0.0028 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0012 | 0.0024 | 0.5267 | 1.8986 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0089 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Pankreas | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0095 | 0.0043 | 2.2373 | 0.4470 |
| | Uterus | 0.0017 | 0.0071 | 0.2321 | 4.3088 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Duenn darm | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0092 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0068 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| 55 | Foetal | 0.0035 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0171 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| 60 | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| | Prostata | 0.0128 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

| 5 | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| | Blase | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0078 | 0.3895 | 2.5671 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0036 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0190 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0017 | 0.0033 | 0.5161 | 1.9377 |
| | Haematopoetisch | 0.0056 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0012 | 0.0024 | 0.5267 | 1.6966 |
| 20 | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Prostata | 0.0024 | 0.0021 | 1.1186 | 0.8939 |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Duennndarm | 0.0031 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | | | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0031 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefasse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock-Uterus | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0735 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 55 | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 60 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 161

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0100 | 0.0136 | 0.7358 | 1.3590 |
| | Blase | 0.0195 | 0.0164 | 1.1854 | 0.8436 |
| | Brust | 0.0176 | 0.0042 | 4.1747 | 0.2395 |
| | Dickdarm | 0.0115 | 0.0142 | 0.8073 | 1.2386 |
| | Duenn darm | 0.0055 | 0.0213 | 0.2577 | 3.8812 |
| 10 | Eierstock | 0.0030 | 0.0095 | 0.3111 | 3.2146 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0048 | 0.0089 | 0.5432 | 1.8409 |
| | Gehirn | 0.0104 | 0.0120 | 0.8704 | 1.1489 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0063 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0030 | 0.0137 | 0.2215 | 4.5144 |
| | Hoden | 0.0120 | 0.0118 | 1.0178 | 0.9825 |
| | Lunge | 0.0049 | 0.0055 | 0.8770 | 1.1402 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0072 | 0.0128 | 0.5668 | 1.7644 |
| | Muskel-Skelett | 0.0154 | 0.0111 | 1.3917 | 0.7186 |
| 20 | Niere | 0.0045 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0166 | 0.0997 | 10.0282 |
| | Prostata | 0.0075 | 0.0104 | 0.7235 | 1.3821 |
| | T_Lymphom | 0.0076 | 0.0448 | 0.1691 | 5.9152 |
| | Uterus | 0.0089 | 0.0138 | 0.6426 | 1.5563 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0094 | | | |
| | Penis | 0.0054 | | | |
| | Samenblase | 0.0141 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0139 | | | |
| | Gehirn | 0.0313 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0371 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0084 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0090 | | | |
| | Prostata_n | 0.0121 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 163

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Dickdarm | 0.0038 | 0.0057 | 0.6728 | 1.4864 |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Eierstock | 0.0030 | 0.0024 | 1.2443 | 0.8036 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0035 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0041 | 0.0030 | 1.3539 | 0.7386 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0063 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0039 | 0.0037 | 1.0524 | 0.9502 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0072 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0045 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0028 | 0.0013 | 2.1706 | 0.4607 |
| | T_Lymphom | 0.0025 | 0.0075 | 0.3381 | 2.9576 |
| | Uterus | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Penis | 0.0027 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| | Entwicklung | 0.0000 |
| 35 | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0507 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0121 |
| 45 | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|------------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0680 |
| | Brust_t | 0.0000 |
| | Dickdarm_t | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0029 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0513 |
| | Haut-Muskel | 0.0130 |
| 60 | Hoden_n | 0.0042 |
| | Hoden_t | 0.0000 |
| | Lunge_n | 0.0000 |
| | Lunge_t | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0121 |
| 65 | Niere_t | 0.0000 |
| | Ovar_Uterus | 0.0023 |
| | Prostata_n | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 164

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Dickdarm | 0.0000 | 0.0057 | 0.0000 | undef |
| | Duenn darm | 0.0082 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0080 | 0.0035 | 2.2634 | 0.4418 |
| | Gehirn | 0.0168 | 0.0080 | 2.1034 | 0.4754 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0063 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0040 | 0.0059 | 0.6786 | 1.4737 |
| | Lunge | 0.0029 | 0.0092 | 0.3157 | 3.1673 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0037 | 0.9278 | 1.0778 |
| 20 | Niere | 0.0045 | 0.0096 | 0.4642 | 2.1540 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0085 | 0.0091 | 0.9302 | 1.0750 |
| | T_Lymphom | 0.0000 | 0.0149 | 0.0000 | undef |
| | Uterus | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | | | |
| | Penis | 0.0054 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0111 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0185 |
| | Placenta | 0.0061 |
| 45 | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|------------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Brust_t | 0.0000 |
| | Dickdarm_t | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0203 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0029 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0513 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden_n | 0.0000 |
| | Hoden_t | 0.0000 |
| | Lunge_n | 0.0000 |
| | Lunge_t | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0090 |
| 65 | Niere_t | 0.0000 |
| | Ovar_Uterus | 0.0090 |
| | Prostata_n | 0.0061 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 165

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0106 | 0.0028 | 3.7573 | 0.2662 |
| | Dickdarm | 0.0000 | 0.0028 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Eierstock | 0.0000 | 0.0095 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0012 | 0.0010 | 1.1605 | 0.8617 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0010 | 0.0137 | 0.0738 | 13.5431 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0068 | 0.0018 | 3.6835 | 0.2715 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0045 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0019 | 0.0013 | 1.4470 | 0.6911 |
| | T_Lymphom | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0030 | 0.0046 | 0.6426 | 1.5563 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Penis | 0.0027 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| 35 | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0070 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0209 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0080 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0090 | | | |
| | Prostata_n | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0232 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 167

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Blase | 0.0078 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Dickdarm | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Eierstock | 0.0030 | 0.0024 | 1.2443 | 0.8036 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0016 | 0.0035 | 0.4527 | 2.2091 |
| | Gehirn | 0.0017 | 0.0010 | 1.7408 | 0.5745 |
| | Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0046 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0112 | 0.0275 | 0.4061 | 2.4624 |
| | Hoden | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0019 | 0.0074 | 0.2631 | 3.8007 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0072 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | T_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0044 | 0.0092 | 0.4819 | 2.0750 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | | | |
| | Penis | 0.0080 | | | |
| | Samenblase | 0.0070 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0242 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0191 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0000 | | | |
| | Prostata_n | 0.0061 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 169

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Blase | 0.0039 | 0.0023 | 1.6595 | 0.6026 |
| | Brust | 0.0106 | 0.0028 | 3.7573 | 0.2662 |
| | Dickdarm | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0032 | 0.0018 | 1.8107 | 0.5523 |
| | Gehirn | 0.0012 | 0.0030 | 0.3868 | 2.5851 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0046 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0020 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0072 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0037 | 1.8555 | 0.5389 |
| | Niere | 0.0112 | 0.0048 | 2.3212 | 0.4308 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0009 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | T_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0044 | 0.0046 | 0.9638 | 1.0375 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | | | |
| | Penis | 0.0027 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0136 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | |
| | Foetal | 0.0197 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0045 | | | |
| | Prostata_n | 0.0121 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 170

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0117 | 0.0141 | 0.8297 | 1.2052 |
| | Brust | 0.0194 | 0.0056 | 3.4442 | 0.2903 |
| | Dickdarm | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0055 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0000 | 0.0024 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0032 | 0.0018 | 1.8107 | 0.5523 |
| | Gehirn | 0.0069 | 0.0140 | 0.4974 | 2.0106 |
| | Haut | 0.0367 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0046 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0101 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0049 | 0.0055 | 0.8770 | 1.1402 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0134 | 0.0048 | 2.7855 | 0.3590 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2992 | 3.3427 |
| | Prostata | 0.0028 | 0.0013 | 2.1706 | 0.4607 |
| | T_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0199 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | | | |
| | Penis | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0141 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0050 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0023 | | | |
| | Prostata_n | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 171

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0250 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0546 | 0.0188 | 2.9041 | 0.3443 |
| | Brust | 0.0387 | 0.0056 | 6.8883 | 0.1452 |
| | Dickdarm | 0.0287 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0302 | 0.0107 | 2.8342 | 0.3528 |
| 10 | Eierstock | 0.0237 | 0.0024 | 9.9547 | 0.1005 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0112 | 0.0106 | 1.0563 | 0.9467 |
| | Gehirn | 0.0093 | 0.0060 | 1.5474 | 0.6463 |
| | Haut | 0.0220 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0046 | 0.0063 | 0.7324 | 1.3653 |
| 15 | Herz | 0.0304 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0161 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0175 | 0.0092 | 1.8944 | 0.5279 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0145 | 0.0064 | 2.2671 | 0.4411 |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0074 | 2.5514 | 0.3919 |
| 20 | Niere | 0.0134 | 0.0048 | 2.7855 | 0.3590 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0254 | 0.0221 | 1.1491 | 0.8702 |
| | T_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0414 | 0.0184 | 2.2490 | 0.4446 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0160 | | | |
| | Penis | 0.0724 | | | |
| | Samenblase | 0.0352 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0197 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0181 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0309 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0952 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0127 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0084 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0203 | | | |
| | Prostata_n | 0.0243 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 172

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Blase | 0.0039 | 0.0023 | 1.6595 | 0.6026 |
| | Brust | 0.0176 | 0.0042 | 4.1747 | 0.2395 |
| | Dickdarm | 0.0038 | 0.0028 | 1.3456 | 0.7432 |
| | Duenn darm | 0.0137 | 0.0107 | 1.2883 | 0.7762 |
| 10 | Eierstock | 0.0000 | 0.0048 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0006 | 0.0090 | 0.0645 | 15.5103 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0081 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0029 | 0.0037 | 0.7893 | 1.2669 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0072 | 0.0192 | 0.3778 | 2.6466 |
| | Muskel-Skelett | 0.0154 | 0.0037 | 4.1750 | 0.2395 |
| 20 | Niere | 0.0022 | 0.0048 | 0.4642 | 2.1540 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0132 | 0.0052 | 2.5323 | 0.3949 |
| | T_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0030 | 0.0322 | 0.0918 | 10.8939 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Penis | 0.0080 | | | |
| | Samenblase | 0.0141 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0181 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0068 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0098 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0068 | | | |
| | Prostata_n | 0.0121 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 173

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0000 | 0.0047 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0053 | 0.0014 | 3.7573 | 0.2662 |
| | Dickdarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Eierstock | 0.0089 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0089 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0006 | 0.0030 | 0.1934 | 5.1701 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0088 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0217 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0074 | 0.4639 | 2.1557 |
| 20 | Niere | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2992 | 3.3427 |
| | Prostata | 0.0047 | 0.0039 | 1.2059 | 0.8293 |
| | T_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | | | |
| | Penis | 0.0054 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0204 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0203 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0042 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0090 | | | |
| | Prostata_n | 0.0061 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 174

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0100 | 0.0136 | 0.7358 | 1.3590 |
| | Blase | 0.0078 | 0.0070 | 1.1063 | 0.9039 |
| | Brust | 0.0114 | 0.0028 | 4.0704 | 0.2457 |
| | Dickdarm | 0.0077 | 0.0057 | 1.3456 | 0.7432 |
| | Duenn darm | 0.0082 | 0.0213 | 0.3865 | 2.5875 |
| 10 | Eierstock | 0.0000 | 0.0072 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0017 | 0.0090 | 0.1934 | 5.1701 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0394 | 0.1862 | 5.3697 |
| | Hepatisch | 0.0093 | 0.0063 | 1.4649 | 0.6826 |
| 15 | Herz | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0107 | 0.0092 | 1.1577 | 0.8638 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0377 | 0.0037 | 10.2055 | 0.0980 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0096 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0028 | 0.0026 | 1.0853 | 0.9214 |
| | T_Lymphom | 0.0051 | 0.0075 | 0.6762 | 1.4788 |
| | Uterus | 0.0030 | 0.0046 | 0.6426 | 1.5563 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0164 | 0.0304 | 0.5410 | 1.8483 |
| | Haematopoetisch | 0.0094 | | | |
| | Penis | 0.0027 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0735 | | | |
| | Foetal | 0.0151 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0366 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0225 | | | |
| | Prostata_n | 0.0061 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 175

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Blase | 0.0312 | 0.0047 | 6.6380 | 0.1506 |
| | Brust | 0.0158 | 0.0056 | 2.8179 | 0.3549 |
| | Dickdarm | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0082 | 0.0213 | 0.3865 | 2.5875 |
| 10 | Eierstock | 0.0059 | 0.0024 | 2.4887 | 0.4018 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0177 | 0.1277 | 0.1383 | 7.2297 |
| | Gehirn | 0.0220 | 0.0100 | 2.2050 | 0.4535 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0244 | 0.0275 | 0.8861 | 1.1286 |
| | Hoden | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0078 | 0.0037 | 2.1049 | 0.4751 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0145 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0075 | 0.0078 | 0.9647 | 1.0366 |
| | T_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0103 | 0.0046 | 2.2490 | 0.4446 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | | | |
| | Penis | 0.0375 | | | |
| | Samenblase | 0.0141 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0068 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | |
| | Foetal | 0.0035 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0125 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0098 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0161 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0045 | | | |
| | Prostata_n | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 176

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0078 | 0.0047 | 1.6595 | 0.6026 |
| | Brust | 0.0202 | 0.0026 | 7.2014 | 0.1389 |
| | Dickdarm | 0.0057 | 0.0142 | 0.4037 | 2.4773 |
| 10 | Duenn darm | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0072 | 0.4148 | 2.4109 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0064 | 0.0035 | 1.8107 | 0.5523 |
| | Gehirn | 0.0058 | 0.0020 | 2.9013 | 0.3447 |
| 15 | Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0063 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0081 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Lunge | 0.0068 | 0.0055 | 1.2278 | 0.8144 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0064 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0037 | 0.4639 | 2.1557 |
| | Niere | 0.0022 | 0.0048 | 0.4642 | 2.1540 |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0028 | 0.0026 | 1.0853 | 0.9214 |
| | T_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | | | |
| | Penis | 0.0054 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0068 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0058 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| 65 | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0135 | | | |
| | Prostata_n | 0.0061 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 177

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0000 | 0.0023 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0079 | 0.0014 | 5.6359 | 0.1774 |
| | Dickdarm | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0107 | 0.0000 | undef |
| 10 | Eierstock | 0.0000 | 0.0024 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0016 | 0.0089 | 0.1811 | 5.5227 |
| | Gehirn | 0.0023 | 0.0050 | 0.4642 | 2.1542 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0127 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0030 | 0.0137 | 0.2215 | 4.5144 |
| | Hoden | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0019 | 0.0018 | 1.0524 | 0.9502 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0128 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0045 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0066 | 0.0026 | 2.5323 | 0.3949 |
| | T_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0015 | 0.0046 | 0.3213 | 3.1125 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | | | |
| | Penis | 0.0080 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| | Entwicklung | 0.0000 |
| 35 | Gastrointestinal | 0.0083 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| 45 | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|------------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Brust_t | 0.0000 |
| | Dickdarm_t | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0041 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0097 |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 |
| | Hoden_t | 0.0000 |
| | Lunge_n | 0.0098 |
| | Lunge_t | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0040 |
| 65 | Niere_t | 0.0000 |
| | Ovar_Uterus | 0.0090 |
| | Prostata_n | 0.0061 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 |

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz

eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest. Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Research Genetics sind unterstrichen.

Brust Normal

| Seq. ID Nr. | Identifizierte BACs | | | | |
|----------------|---------------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|
| 4 | 174/F/16 | | | | |
| 12 | 388/D/5 | 393/M/24 | 494/B/3 | 502/B/23 | |
| 13 | <u>203/A/1</u> | <u>233/B/22</u> | 392/L/10 | 311/J/7 | |
| 15 | <u>248/C/14</u> | 266/E/16 | <u>528/D/3</u> | <u>266/E/17</u> | <u>506/P/12</u> |
| 19 | 113/G/13 | 191/B/19 | 202/O/3 | 250/O/19 | |
| 21 | 137/H/19 | 231/I/10 | | | |
| 22 | 165/N/5 | 208/D/7 | | | |
| 26 | 6/L/15 | 11/I/17 | 117/E/15 | | |
| 28 | <u>501/L/21</u> | <u>367/D/6</u> | | | |
| 31 | <u>369/H/21</u> | <u>429/I/13</u> | | | |
| 34 | 108/M/13 | | | | |
| 37 | 289/C/11 | | | | |
| 42 | 59/A/20 | | | | |
| 43 | <u>325/J/11</u> | <u>448/O/2</u> | <u>563/F/18</u> | | |
| 57 | 4/G/9 | | | | |
| 58 | 229/O/21 | 233/F/12 | | | |
| 59 | 97/P/23 | 109/A/1 | 125/H/9 | | |

| | | | |
|----|-----------------|---------|----------|
| 60 | <u>503/P/21</u> | | |
| 61 | <u>3/P/21</u> | 188/B/9 | |
| 63 | 176/A/22 | | |
| 69 | 425/E/10 | | |
| 71 | 178/I/19 | 242/B/6 | 242/B/11 |

TABELLE I

| lfd. Nr. | Expr ssion | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Länge EST (bp) | Länge der angemeld t n Sequenz (bp) |
|----------|--------------------------------|---|--------------|---------------------------|--|----------------|-------------------------------------|
| 1 | im normalen Brustgewebe erhöht | Ein neuer humaner Prä-mRNA Spleiß-Faktor, der zur einer Genfamilie mit TPR (Tetratricopeptid repeats)-Motiv gehört. | "TPR"-Region | unbekannt | unbekannt | 205 | 2031 |
| 2 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 3q29 | zwischen D3S1265 und D3S1311 | 248 | 1081 |
| 3 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane Homolog des Perilipin A aus Ratte. | | 15q26.1-qter | SHGC-6068; zwischen WI-7918 und SHGC-14718 | 247 | 1318 |
| 4 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | Xq24 | SHGC-14021 alias DXS9764 | 256 | 731 |
| 5 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 15q26.1-qter | D15S120-15qter | 237 | 2719 |
| 10 | im normalen Brustgewebe erhöht | Ein humanes Ortholog des fsp-27 (Fett-spezifisches Protein 27) der Maus. | | 3p24.3-p25.1 | zwischen D3S1597 und D3S1263 | 310 | 1107 |
| 11 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 17q22-q23.2 | SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792 | 239 | 1062 |
| 12 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 2q34 | SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237 | 241 | 1471 |

| lfd. Nr. | Expression | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Länge EST (bp) | Länge der angemeldeten Sequenz (bp) |
|----------|--------------------------------|---|---|---------------------------|--|----------------|-------------------------------------|
| 13 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane LOT1 (Lost On Transformation 1). | "ZINC_FIN GER_C2H 2_2"- Domäne | 6q23.3-q24.3 | zwischen D6S308 und D6S978 | 214 | 2738 |
| 14 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane SGN3 (die Untereinheit 3 eines JAB1 enthaltenden Signalosoms). | "PCI_DOM AIN" | 17p12-q11.2 | sts-W80395; zwischen D17S922 und D17S798 | 225 | 1710 |
| 15 | im normalen Brustgewebe erhöht | Ein neues Zinkfinger-Protein des LIM-Typs. | "LIM"- Domäne | 4p14 | SHGC4-435; zwischen SHGC4-259 und SHGC-33782 | 228 | 3159 |
| 16 | im normalen Brustgewebe erhöht | Der humane nukleärer Faktor I-B2 (NFIB2). | | unbekannt | unbekannt | 249 | 1680 |
| 18 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane Dermatopontin. | | 1q12-q23 | unbekannt | 188 | 1722 |
| 19 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 1p22.1-p22.2 | SHGC-34523 | 287 | 1612 |
| 21 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 11q14.1 | SHGC-32865; zwischen SHGC-3911 und SHGC-36303 | 248 | 1304 |

| lfd. Nr. | Expr ssion | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Länge EST (bp) | Länge der angemeldeten Sequenz (bp) |
|----------|--------------------------------|---|---------------------|---------------------------|--|----------------|-------------------------------------|
| 22 | im normalen Brustgewebe erhöht | Diese Sequenz ist verwandt mit der schweren Kette H3 des humanen Inter-alpha-Trypsin Inhibitors. Dieser spielt möglicherweise eine Rolle bei der Stabilisierung der extrazellulären Matrix. | | 10p15.1-p15.3 | SHGC-16603; zwischen SHGC-16603 und SHGC-33903 | 288 | 1533 |
| 23 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 11q14.2-q14.3 | zwischen D11S1354 und D11S931 | 204 | 1304 |
| 24 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 10p15.1-p15.3 | zwischen D10S591 und D10S189 | 291 | 2403 |
| 25 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 2q35 | AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744 | 286 | 2517 |
| 26 | im normalen Brustgewebe erhöht | Die pi-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors. | "neur_cha n"-Domäne | 5q34 | AFM304xd5; zwischen AFM080xh11 und SHGC-5539 | 268 | 1668 |
| 28 | im normalen Brustgewebe erhöht | Diese Sequenz ist möglicherweise das Ortholog des Neuralen Membran Protein 35 (NMP35) der Ratte. | "UPF0005" | 2q35 | SHGC-35278; zwischen D2S164 und D2S163 | 244 | 1768 |

| lfd. Nr. | Expression | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Länge EST (bp) | Länge der angemeldeten Sequenz (bp) |
|----------|--------------------------------|--|-----------------------------------|---------------------------|--|----------------|-------------------------------------|
| 29 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane β -Spectrin. | "PH"-Domäne und "Spectrin"-Domäne | 2p16.1-16.3 | zwischen D2S123 und D2S378 | 247 | 3479 |
| 30 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 7p21.2-p21.3 | SHGC-35668; zwischen D7S714 und D7S2564 | 88 | 933 |
| 31 | im normalen Brustgewebe erhöht | Diese Sequenz stellt wahrscheinlich das humane Ortholog des "SRD-2 mutant sterol regulatory element binding protein-2 (SREBP-2)" des Hamsters dar. | "LM"-Domäne | 12p11.21-q13.11 | zwischen D12S1648 und D12S1620 | 269 | 2783 |
| 32 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane Protein Kinase A Anker-Protein; es bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A. | "KH"-Domäne und "TUDOR"-Domäne | 17q22 | zwischen D17S790 und D17S794 | 265 | 3411 |
| 33 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane Mi-2 Autoantigen, es handelt sich hierbei vermutlich um eine Helicase, die die Transkription aktiviert. | | 12p12.3-p13.33 | zwischen D12S93 und D12S77 | 244 | 1393 |
| 34 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 10q25.1 | SHGC-14061; zwischen ATC3 und AFMa273ye1 | 258 | 1236 |
| 35 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane "obese protein" (ob). | | 7q31.3 | zwischen D7S686 und D7S530 | 237 | 749 |

| I fd. Nr. | Expression | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Länge EST (bp) | Länge der angemeldeten Sequenz (bp) |
|-----------|--------------------------------|--|--|---------------------------|---------------------------------------|----------------|-------------------------------------|
| 36 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane Duffy-Antigen (DARC-Gen). | | 1q22 | zwischen D1S484 und D1S426 | 271 | 1251 |
| 37 | im normalen Brustgewebe erhöht | Dieses Protein hat eine ca. 50%ige Aminosäure-Identität zu S3-12, einem Plasma Membran-assoziiertem Protein, das während der Fettzellen-Differenzierung exprimiert wird. | | unbekannt | unbekannt | 199 | 3283 |
| 38 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane Semaphorin E; es vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis-Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz. | | 7q11.23-q21.13 | stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524 | 240 | 2720 |
| 39 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane alpha-B-Crystallin-Gen, ursprüngl. als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint im Endometrium durch Progesteron und Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht-proliferativen Phase des Menstruationszyklus. | "crystallin"-Domäne und "HSP20"-Domäne | 11q23.1-q23.2 | zwischen D11S1893 und D11S938 | 247 | 1036 |
| 40 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane extrazelluläres Protein S1-5. | "EGF_CA"-Domäne | 2p11.1-12 | zwischen D2S2371 und D2S388 | 265 | 2659 |
| 41 | im normalen Brustgewebe erhöht | Die humane Lipoprotein-Lipase. | "Lipase"-Domäne | 8p22-p23.1 | zwischen D8S261 und D8S258 | 252 | 2939 |

| Lfd. Nr. | Expression | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Länge EST (bp) | Länge der angemeldeten Sequenz (bp) |
|----------|--------------------------------|--|----------------|---------------------------|--------------------------------|----------------|-------------------------------------|
| 42 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane sFRP ("secreted frizzled-related protein") spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis). | | 8p11.21-p12 | zwischen D8S1791 und D8S268 | 404 | 3670 |
| 43 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 10q23.32-q25.1 | WI-14063 | 259 | 1025 |
| 45 | im normalen Brustgewebe erhöht | Diese Sequenz ist wahrscheinlich das humane Ortholog eines Fettzellen-spezifischen Gens der Maus. | | unbekannt | unbekannt | 328 | 538 |
| 47 | im normalen Brustgewebe erhöht | Die humane Plazenta "copper monamine oxidase". | | 17q12 | SHGC-3147 | 256 | 360 |
| 48 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | "HSP20"-Domäne | 1p36.13-p36.23 | zwischen D1S434 und D1S507 | 157 | 2192 |
| 49 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane "ras-like protein". | "ras"-Domäne | 2p16.3-p21 | zwischen D2S391 und D2S123 | 305 | 2952 |
| 50 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 7p12.1-p12.3 | zwischen D7S506 und D7S659 | 188 | 615 |
| 51 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 11q12.1-q13.1 | SHGC-35409; WI-7266 - D11S2006 | 290 | 1488 |
| 53 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das YAP (Yes-associated protein); es bindet an SH3-Domänen. | | 11q21.1-q22.3 | D11S1339 | 289 | 2262 |

| Lfd. Nr. | Expression | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Mark_r | Länge EST (bp) | Länge der angemeldeten Sequenz (bp) |
|----------|--------------------------------|---|--------------|---------------------------|--|----------------|-------------------------------------|
| 54 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane B4-2 Protein. | | 6q16.2 | SHGC-31472 | 306 | 1301 |
| 56 | im normalen Brustgewebe erhöht | Die humane "Lange Ketten Acyl-CoA Synthetase". | | 4q33-q35.2 | zwischen D4S408 und D4S426 | 269 | 1265 |
| 57 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das "Prepro-Melanin-konzentrierende Hormon (prepro-melanin-concentrating hormone)". | | 12q22 | AFM263ZD1; zwischen SHGC-15767 und SHGC-9350 | 247 | 274 |
| 58 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 2q22.3-2q23.2 | SHGC-36777 | 270 | 2073 |
| 59 | im normalen Brustgewebe erhöht | Ein mögliches neues Mitglied der humanen tob-Genfamilie. | | 21q11.1-q21.1 | SHGC-11705; zwischen D21S1886 und D21S1256 | 205 | 850 |
| 60 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 1q22 | SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576 | 229 | 2091 |
| 61 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane Ortholog zum Kryn-Gen der Maus. | "SH3"-Domäne | 4q31.3 | SHGC-31182 | 225 | 2952 |
| 62 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 11p15.3 | AFM166zel; zwischen SHGC-5993 und SHGC-13819 | 223 | 2313 |

| Lfd. Nr. | Expression | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Länge EST (bp) | Länge der angemeldeten Sequenz (bp) |
|----------|--------------------------------|---|--------------------|---------------------------|---|----------------|-------------------------------------|
| 63 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 2q24.1-q24.3 | SHGC-1305; zwischen CHLC.GATA22H09 und WI-7620 | 192 | 1650 |
| 64 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane Ortholog zur UMP-CMP-Kinase des Schweins. | "Adenylate-kinase" | 1p32.3-p36.12 | SHGC-36697; zwischen D1S2843 und D1S417 | 223 | 2851 |
| 65 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 4p15.1 | WI-15951; zwischen D4S1043 und SHGC-16179 | 221 | 1071 |
| 66 | im normalen Brustgewebe erhöht | Die humane cAMP Phosphodiesterase. | "PDEase" | 8q13.1 | CHLC.GATA86D08; zwischen SHGC- 9281 und AFMa084wc5 | 199 | 2375 |
| 67 | im normalen Brustgewebe erhöht | Das humane Antigen CD 36. | "CD36"- Domäne | 7q11.23 | sWSS1455 | 221 | 1823 |
| 68 | im normalen Brustgewebe erhöht | Vermutlich ein humanes Ortholog des Hefe S. pombe sad1+ Gens. | | 7p22.3 | SHGC-34866; zwischen SHGC- 10715 und SHGC- 32510 | 248 | 2403 |
| 69 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 5p15.33 | zwischen D5S477 und D5S426 | 230 | 1246 |
| 71 | im normalen Brustgewebe erhöht | Ein neues humanes Protein, das eine SH3-Domäne enthält. Diese Proteine sind Mediatoren der interzellulären Zellkommunikation. | | 8p21.3 | SHGC-30970 | 263 | 1950 |

| Lfd. Nr. | Expr ssion | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Länge EST (bp) | Länge der ang meldeten Sequ nz (bp) |
|----------|--------------------------------|---|--------|---------------------------|------------------------------------|----------------|-------------------------------------|
| 72 | im normalen Brustgewebe erhöht | Ein neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt; auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A. | | 7q21.11-q22.1 | R06442; zwischen D7S524 und D7S657 | 240 | 814 |
| 74 | im normalen Brustgewebe erhöht | Vermutlich das humane Ortholog des Maus Sox-18. Die Sox-Proteine stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse steuern. Sox-Gene weisen eine sog. HMG-Box ("high mobility group") auf. Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor") des Menschen. | | unbekannt | unbekannt | 264 | 747 |
| 76 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | | 17p13.3-q25.3 | AFM163yg1 | 296 | 2419 |

| Lfd. Nr. | Expr ssion | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Länge EST (bp) | Länge der angemeldeten Sequenz (bp) |
|----------|--------------------------------|--------------------------------|---|---------------------------|--|----------------|-------------------------------------|
| 161 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 1 | "RGS"-Domäne; "ATP-synt_B"-Domäne; "TPR_Region TPR repeat"; "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal" | unbekannt | unbekannt | 205 | 3096 |
| 162 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4 | "CNH"-Domäne; "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal" | Xq24 | SHGC-14021 alias DXS9764 | 256 | 1987 |
| 163 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 10 | | 3p24.3-p25.1 | zwischen D3S1597 und D3S1263 | 310 | 1107 |
| 164 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 11 | "TK"-Domäne | 17q22-q23.2 | SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792 | 239 | 1062 |
| 165 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 12 | "Polyoma_coat2"-Domäne | 2q34 | SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237 | 241 | 2770 |

| Lfd. Nr. | Expr ssion | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Läng EST (bp) | Länge der angemeldeten Sequenz (bp) |
|----------|--------------------------------|--------------------------------|--|---------------------------|--|---------------|-------------------------------------|
| 166 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 15 | LIM; Ran_BP1; NLS_BP Bipartite nuclear localization signal | 4p14 | SHGC4-435; zwischen SHGC-259 und SHGC-33782 | 228 | 4242 |
| 167 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 19 | "UPF0024"-Domäne | 1p22.1-p22.2 | SHGC-34523 | 287 | 2640 |
| 168 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 22 | | 10p15.1-p15.3 | SHGC-16603; zwischen SHGC-16603 und SHGC-33903 | 288 | 1558 |
| 169 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 23 | | 11q14.2-q14.3 | zwischen D11S1354 und D11S931 | 204 | 1388 |
| 170 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 24 | "ribonuclease_T2"-Domäne | 10p15.1-p15.3 | zwischen D10S591 und D10S189 | 291 | 2416 |
| 171 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25 | "TK"-Domäne | 2q35 | AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744 | 286 | 2720 |
| 172 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 38 | "ig"-Domäne | 7q11.23-q21.13 | stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524 | 240 | 2987 |
| 173 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50 | | 7p12.1-p12.3 | zwischen D7S506 und D7S659 | 188 | 892 |

| Lfd. Nr. | Expr ssion | Funktion | Module | Chromosomale Lokalisation | nächste Marker | Läng EST (bp) | Läng der angemeldeten Sequenz (bp) |
|----------|--------------------------------|-------------------------------|--|---------------------------|---|---------------|------------------------------------|
| 174 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr.51 | "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal" | 11q12.1-q13.1 | SHGC-35409; zwischen WI-7266 und D11S2006 | 290 | 1679 |
| 175 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr.60 | "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal" | 1q22 | SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576 | 229 | 2411 |
| 176 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr.61 | "SH3"-Domäne; "IL-6"-Domäne; "toxin_2"-Domäne | 4q31.3 | SHGC-31182 | 225 | 3450 |
| 177 | im normalen Brustgewebe erhöht | Verlängerung zu Seq. ID Nr.72 | | 7q21.11-q22.1 | R06442; zwischen D7S524 und D7S657 | 240 | 874 |
| 178 | im normalen Brustgewebe erhöht | unbekannt | "PH"-Domäne | 9q34.11-q34.12 | stSG3880; zwischen D9S1821 und D9S159 | 242 | 3265 |

TABELLE II

DNA-Sequenzen**Seq. ID. No.**1
2

3

4

5

10

11

12

13

14

15

18

19

21

22

23

24

25

28

Peptid-Sequenzen**Seq. ID. No.**

77

78

79

80

81

82

83

84

85

87

88

89

90

91

92

93

95

96

97

98

99

100

101

102

103

104

DNA-Sequenz n
Seq. ID. No.**Peptid-Sequenzen**
Seq. ID. No.

30

105

106

107

31

108

34

112

37

113

42

114

43

115

116

117

45

119

48

122

50

124

125

51

126

53

128

54

129

57

131

58

132

133

59

135

60

137

61

138

62

139

140

141

63

142

143

144

145

64

146

65

147

68

148

69

149

150

71

151

72

152

153

154

155

156

74

157

76

158

159

160

DNA-Sequenzen**S q. ID. No.**

161

162

163

164

165

166

167

168

169

170

171

172

173

174

175

176

177

178

P ptid-Sequenz n**S q. ID. No**

179

180

181

182

183

184

185

186

187

188

189

190

191

192

193

194

195

196

197

198

199

200

201

202

203

204

205

206

207

208

209

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 183

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2031 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
ATTGCATCAG CCCGCCTGGA AGAAGTCACT GGGAAGCTAC AAGTAGCTCG GAACCTTATC 60
ATGAGGGGGA CGGAGATGTG CCCCAGAGT GAAGATGTCT GGCTGGAAGC AGCCAGGTTG 120
CAGCCTGGGG ACACAGCCAA GGCCGTGGTA GCCCAAGCTG TCCGTCATCT CCCACAGTCT 180
GTCAGGATTT ACATCAGAGC CGCAGAGCTG GAAACGGACA TTCGTGCAAA GAAGCGGGTT 240
CTTCGGAAAG CCCTCGAGCA TGTTCCAAAC TCGGTTCTGCT TGTGGAAAGC AGCCGTTGAG 300
CTGGAAGAAC CTGAAGATGC TAGAATCATG CTGAGCCGAG CTGTGGAGTG CTGCCCCACC 360
AGCGTGGAGC TCTGGCTTGC TCTGGCAAGG CTGGAGACCT ATGAAAATGC CCGCAAGGTC 420
TTGAACAAGG CGCGGGAGAA CATTCTTACA GACCGACATA TCTGGATCAC GGCTGCTAAG 480
CTGGAGGAAG CCAATGGGAA CACGCAGATG GTGGAGAAGA TCATCGACCG AGCCATCACC 540
TCGCTGCGGG CCAACGGTGT GGAGATCAAC CGTGAGCAGT GGATCCAGGA TGCCGAGGAA 600
TGTGACAGGG CTGGGAGTGT GGCCACCTGC CAGGCCGTCA TCGGTGCCGT GATTGGGATT 660
GGGATTGAGG AGGAAGATCG GAAGCATACC TGGATGGAGG ATGCTGACAG TTGTGTAGCC 720
CACAATGCCC TGGAGTGTGC ACGAGCCATC TACGCCTACG CCCTGCAGGT GTTCCCCAGC 780
AAGAAGAGTG TGTGGCTGCG CGCCGCGTAC TTCGAGAAGA ACCATGGCAC TCGGGAGTCC 840
CTGGAAGCAC TCCTGCAGAG GGCTGTGGCC CACTGCCCCA AAGCAGAGGT GCTGTGGCTC 900
ATGGGCGCCA AGTCCAAGTG GCTGGCAGGG GATGTGCCTG CAGCAAGGAG CATCCTGGCC 960
CTGGCCTTCC AGGCCAACCC CAACAGTGAG GAGATCTGGC TGGCAGCCGT GAAGCTGGAG 1020
TCCGAGAATG ATGAGTACGA GCGGGCCCCG AGGCTGCTGG CCAAGGCGCG GACAGTGCCC 1080
CCACCGCCCC GGTGTTTCATG AAGTCTGTGA AGCTGGAGTG GGTGCAAGAC AACATCAGGG 1140
CAGCCCCAAG TCTGTGCGAG GAGGCCCTGC GGCATATGA GGAATTCCCC AAGCTGTGGA 1200
TGATGAAGGG GCAGATCGAG GAGCAGAAGG AGATGATGGA GAAGGCGCGG GAAGCCTATA 1260
ACCAGGGGTT GAAGAAGTGT CCCCCTCCA CACCCCTGTG GCTTTTGCTC TCTCGGTGG 1320
AGGAGAAGAT TGGGCAGCTT ACTCGAGCAC GGGCCATTTT GGAAAAGTCT CGTCTGAAGA 1380
ACCCAAAGAA CCCTGGGCTG TGGTTGGAGT CCGTGC GGCTGAGTACCGT GCGGGGCTGA 1440
AGAACATCGC AAATACACTC ATGGCCAAGG CGCTGCAGGA GTGCCCCAAC TCCGGTATCC 1500
TGTGGTCTGA GGCCATCTTC CTCGAGGCAA GGCCCCAGAG GAGGACCAAG AGCGTGGATG 1560
CCCTGAAGAA GTGTGAGCAT GACCCCCATG TGCTCTTGGC CGTGGCCAAG CTGTTTTGGA 1620
GTCAGCGGAA GATCACCAAG GCCAGGGAGT GGTTCACCG CACTGTGAAG ATTGACTCGG 1680
ACCTGGGGGA TGCCTGGGCC TTCTTCTACA AGTTTGAGCT GCAGCATGGC ACTGAGGAGC 1740
AGCAGGAGGA GGTGAGGAAG CGCTGTGAGA GTGCAGAGCC TCGGCATGGG GAGCTGTGGT 1800
GCGCCGTGTC CAAGGACATC GCCAACTGGC AGAAGAAGAT CGGGGACATC CTTAGGCTGG 1860
TGGCCGCGCG CATCAAGAAC ACCTTCTGAT TGAGCGGTTG CCATGGCCGG TCTCCGTGGG 1920
GCAGGGTTGG GCCGCATGTG GAAGGGCTCT GAGCTGTGTC CTCCTTCATT AAAAGTTTTT 1980
ATGTCTCGTG TCAGAAAAAA AAAGAAAAGA AAAAAGGGGG CGCCCGGGGG C 2031
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1081 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```
AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAAACGAAA AACAACAAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
TGCTTTGCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTTT GACAATTGAA TTTGTTTTCT GTGAATTCTA 120
ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTCA TACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
ATTTACTAAC ACGTTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATACC TAAAGCTAAA AAAAAGCAAG 300
GGTTTGT CAT AGAGGGAACC TCTAAATAAT TTCAGGGGTA GGGGAGATGT TGTCAATAGG 360
AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
TTATTCCTTTT CATTTTCAGT GATGTTGGGA ATGGACTGGG TTTTAAAAGG GAGCTTGAAG 480
AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTCC TGCAGCAGAT GCCTCTTTTA GCCATTCTC 540
ATTTTTTTCC TCAAATTTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTTATT TGGTATTTGT AAGGCAAGAG GTGATTCTC 660
TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTTAA AACTGTTAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
TATGAAAAAA TGTGCATTTT TTTCACCTAG CAACAAAGTA CCTTCTAATT TCCAATAGTC 780
CGTGAAAGTT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCTC TCCCGTTAAA CTGAGTGTAG 840
AAATCTGAAT TTTTAAAAGA GCTGTAAC TA GTTGTAAGTG CTTAGGAAGA AACTTTGCAA 900
ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTTTT AAAATTCCTT CACACTGTAA TTTAATGTGT 960
TTTATATTCT TTTGTAGTAA AACAACATAA CTCAGATTTT TACAGGAGAC AGTGGTTTTA 1020
TTTGGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTTCAAT AAAGCTGGAT GAACTTAAAA AAAAAAAAAA 1080
A 1081
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1318 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```

GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACCTCTTC CGGCCCAACG CCGTG CATGG AGCCCATCCT 60
GGGCCGCACG CATTACAGCC AGCTGCGCAA GAAGAGCTGA GTCGCCGCAC CAGCCGCCGC 120
GCCCCGGGCC GGCGGGTTTC TCTAACAAAT AAACAGAACC CGCACTGCCC AGGCGAGCGT 180
TGCCACTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
GCACTTTTTA TTTTATTTT ATTTTATTT TTTTTTAGC ATCCTTTTGG GGCTTCACTC 300
TCAGAGCCAG TTTTAAAGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATTCTA TGGCTTGGTT 360
GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTGAT TTTTCATCTC TTTAACCAAA CTTGTGGCCA 420
AAAGATATTT GACCGTTTCC AAAATTCAGA TTCTGCCTCT GCGGATAAAT ATTTGCCACG 480
AATGAGTAAC TCCTGTCACC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTTGAC ACATTCTTAG 540
CACTGAACTC CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
TTATTTAAAA TACTAGTGTC ACTTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
CTGTGTGCTT TGTAGAGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTTCCATTTG CATCATTACT 780
GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTTGATG CTGGGGAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
ACTTTATGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCCTAGTCTT CGAAATGTTA ATATTTGATA 900
AATCTAGAAA ATGCATTCAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAAGG ATGTGTGTCT 960
TTCTCCCCGA GCTCCCCTGT TCCCCTTCAT TGAAAACCAC CACGGTGCCA TCTCTTGTGT 1020
ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTTGTG TTTACACAAG 1080
CTGTGGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTTT 1140
GTATCACATT ATAAATCCCA CTCGCTCTTT TTGATGGCCA CATAATAACT ACTGCATAAT 1200
ATGGATACGC CTTATTTGAT TTAAGTAGTT CCCTAATGAT GGACTTTTAA GTTGTTCCT 1260
TTTTTTTCT TTTTGTCTAC TGCAAACGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAAATG 1318

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 731 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA 60
CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG ATTCATCCCA AAGCCTTCCC 240
ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG 360
GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTTTG GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGGTCTTCT 480
TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAAACAAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600
CTTTCCTGTG TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660
TTTCTGGATT TTAAATTA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA AATCAAAAAA AAAAGAAAGG 720
AAGTAAAAGG A

```

731

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2719 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGTTTGATAA GAAGGTGCAG 60
CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTCGGTG ATTTAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120
TATCTAGACA ATGAGGAGGA GGAGAATGAT GGGCATTGGT TTTAATAAGC AGAAACATTT 180
TGTTTTAATG GCAGCCTGTT GGCGACGTGC CAACATCCAA AGGCCTTAAC TTATTTTAAG 240
AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCCT TTTTACTTT TTTAAAGAGT ACTCCCGGCA 300
TGGTCAATTT CTTTATAGT TAATCCGTAA AGGTTTCCAG TTAATTCATG CCTTAAAGG 360
CACTGCAATT TTATTTTGA GTTGGGACTT TTACAAACA CTTTTTCCC TGGAGTCTTC 420
TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTTCTATGTT TTGCACCTGG TCACAGACAT GGCTTGCATC 480
TGTTTGAAAC TACAATTAAT TATAGATGTC AAAACATTAA CCAGATTAAA GTAATATATT 540
TAAGAGTAAA TTTTGCTTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTTAGGGGAA 600
AAATAAATAC AATTTAGACT CTAAAAAGTC TTTTCAAAAA GAAATGGGAA ATAGGCAGAC 660
TGTTTATGTT AAAAAAATTC TTGCTAAATG ATTTTCATCT TAGGAAAAA TACTTGCCA 720
TATAGAGCTA AATTCATCTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTTAA 780
CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTTTAC ATTCTATTTG 840

```

| | | | | | | |
|-------------|-------------|------------|------------|------------|------------|------|
| CACAGGTTCC | CTGGCACTGG | TAGGGTAGAT | GATTATTGGG | AATCGCTTAC | AGTACCATTT | 900 |
| CATTTTTTGG | CACTAGGTCA | TTAAGTAGCA | CACAGTCTGA | ATGCCCTTTT | CTGGAGTGGC | 960 |
| CAGTTCCTAT | CAGACTGTGC | AGACTTGCGC | TTCTCTGCAC | CTTATCCCTT | AGCACCCAAA | 1020 |
| CATTTAATTT | CACTGGTGGG | AGGTAGACCT | TGAAGACAAT | GAAGAGAATG | CCGATACTCA | 1080 |
| GACTGCAGCT | GGACCGGCAA | GCTGGCTGTG | TACAGGAAAA | TTGGAAGCAC | ACAGTGGACT | 1140 |
| GTGCCTCTTA | AAGATGCCTT | TCCCAACCCT | CCATTTCATG | GATGCAGGTC | TTTCTGAGCT | 1200 |
| CAAGGGTGAA | AGATGAATAC | AATAACAACC | ATGAACCCAC | CTCACGGAAG | CTTTTTTTGC | 1260 |
| ACTTTGAACA | GAAGTCATTG | CAGTTGGGGT | GTTTTGTCCA | GGGAAACAGT | TTATTAAATA | 1320 |
| GAAGGATGTT | TTGGGGAAGG | AACTGGATAT | CTCTCCTGCA | GCCCAGCACC | GAGATACCCA | 1380 |
| GGACGGGCCT | GGGGGGCGAG | AAAGGCCCCC | ATGCTCATGG | GCCGCGGAGT | GTGGACCTGT | 1440 |
| AGATAGGCAC | CACCGAGTTT | AAGATACTGG | GATGAGCATG | CTTCATTGGA | TTCATTTTAT | 1500 |
| TTTACACGTC | AGTATTGTTT | TAAAGTTTCT | GTCTGTAAAG | TGTAGCATCA | TATATAAAAA | 1560 |
| GAGTTTCGCT | AGCAGCGCAT | TTTTTTTAGT | TCAGGCTAGC | TTCTTTCACA | TAATGCTGTC | 1620 |
| TCAGCTGTAT | TTCCAGTAAC | ACAGCATCAT | CGCACTGACT | GTGGCGCACT | GGGGAATAAC | 1680 |
| AGTCTGAGCT | AGCACCACCC | TCAGCCAGGC | TACAACGACA | GCACTGGAGG | GTCTTCCCTC | 1740 |
| TCAGATTCAC | CTGGAGGCCC | TCAGACCCCC | AGGGTGCACG | TCTCCCCAGG | TCCTGGGAGT | 1800 |
| GGCTACCGCA | GTAAGTTTCTG | GAGAGCACGT | TTTCTTCATT | GATAAGTGGA | GGAGAAATGC | 1860 |
| AGCACAGCTT | TCAAGATACT | ATTTTAAAAA | CACCATGAAT | CAGATAGGGA | AAGAAAGTTG | 1920 |
| ATTGGAATGG | CAAGTTTAAA | CCTTTGTTGT | CCATCTGCCA | AATGAACTAG | TGATTGTCAG | 1980 |
| ACTGGTATGG | AGGTGACTGC | TTTGTAAGGT | TTTGTGTTTT | CTAATACAGA | CAGAGATGTG | 2040 |
| CTGATTTTGT | TTTAGCTGTA | ACAGGTAATG | GTTTTTGGAT | AGATGATTGA | CTGGTGAGAA | 2100 |
| TTTGGTCAAG | GTGACAGCCT | CCTGTCTGAT | GACAGGACAG | ACTGGTGGTG | AGGAGTCTAA | 2160 |
| GTGGGCTCAG | TTTGATGTCA | GTGTCTGGGC | TCATGACTTG | TAAATGGAAG | CTGATGTGAA | 2220 |
| CAGGTAATTA | ATATTATGAC | CCACTTCTAT | TTACTTTGGG | AAATATCTTG | GATCTTAATT | 2280 |
| ATCATCTGCA | AGTTTCAAGA | AGTATTCTGC | CAAAAGTATT | TACAAGTATG | GACTCATGAG | 2340 |
| CTATTGTTGG | TTGCTAAATG | TGAATCACGC | GGGAGTGAGT | GTGCCCTTCA | CACTGTGACA | 2400 |
| TTGTGACATT | GTGACAAGCT | CCATGTCCTT | TAAAATCAGT | CACTCTGCAC | ACAAGAGAAA | 2460 |
| TCAACTTCGT | GGTTGGATGG | GGCCGGAACA | CAACCAGTCT | TTTTGTATTT | ATTGTTACTG | 2520 |
| AGACAAAACA | GTACTIONCTG | AGTGTTTTTT | AGTTTCCTAC | TGGTGGTTTT | GATATTGTTT | 2580 |
| GTTTAAAGATG | TATATTTAGA | ATGACATCAT | CTAAGAAGCT | GATTTTGCTA | AACTCCTGTT | 2640 |
| CCCTACAATG | GGAAATGTCA | CAAGAATGTG | CAAAAATAAA | AATCTGAGGA | AAAAACCCAA | 2700 |
| AAAATTCCTA | AAGAGAATG | | | | | 2719 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1107 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

gggccggggca gccagctga aggcaataag ctgggctcac cgctgcagca gagttctgtg 60
ctagccggggc ataggggcca gagaaggccc agaggcgacg tcagagagaa gcaactgcgc 120
cccggtagaag agaagctcgc ccatacccg ctgggagcca gctttcagtg aagatggcag 180
ggccagaact gttgcttgac tccaacatct gcctctgggt ggtcctaccc atcgttatca 240
ctcttcgtag acatgatccg ccactacgtg tccatcctgc tggagagcga caagaagctc 300
acccaggaac aagtatctga caggggacga ggcacccaca gtccctctcc cataagcctg 360
ccaagaagat tgatgtggcc cgtgtaacgt ttgacctgta caagctgaac ccacaggact 420
tcattggctg cctgaacgtg aaggcgactt tttatgatac atactccctt tccatgatac 480
tgcactgctg tggggccaag cgcatactga aggaagcttt ccgctggggc ctcttcagca 540
tgcaggccac aggccacgta ctgcttgga cctcctgtta cctgcagcag ctccctcgatg 600
ctacggagga agggcagccc cccaaggcca aggcctcacc ccttatcccg acctgtctga 660
agatactgca gtgaaagccc aagtccttgg aagctttccc cagtgaagga ctgactgggg 720
gcctcacgct taactggtag tgcccacaag cctggcagct gtagagccgc gaacctcccc 780
acacctccct caccgcgcag gacctgagt gaggaggagg agctggaaac ctgggggtggg 840
ttggccaaag gagaacctca agctcctggc ctgatccagc tccttcctgc ccaaggcagc 900
ttagcccatc cagactggtc ctgaagtctg tccctccatt ggcataagat ctgcccctca 960
gcagtccggc ctcacaggct gtactttcat ggtgctctct accttctggc ccccatccca 1020
gaacattcgt gagtgaattc gcaagcatat tagcatgtga tattaggag tttgcaataa 1080
attattgatg ctgatgtaaa aaaaaaa
1107

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

gtgaatatgt gtgtatatgt gtgtgtatgt gtgtgtgggg tttggggtag aaggaggagg 60
gggggcagga cagtgtggaa tctctagggt gtatgggtag gtagggggca cagttagttc 120
taagtgggct tttatgctaa aagcctctgg ggatatctgt tttgaaaata aagatagggt 180
tccctcctt gctgtcatct agcccagaca ctctgcttgc tctctggctg tctgctccct 240

```



```

gggaaggcct taggaggacc acccaggaca ggatgaccat gctgccatct gctctggagc 300
tgggtctcag tgcagaggga cagtgactgt ggatgggttg agtctctggt gggagggtgag 360
gatagaagtg ataaagagct aagaggagct tctgggagcc ttggaggagg tcagtcttgc 420
agtgggtgaag ccaggacata ggagatggag cagggctgtg agaggaggag attctgagga 480
ggatgcaggg gaaatcttgt ctgttaatga aataggggtg ggggtggggt tgggggtggg 540
tggtcattgc cgtttgagct gctgattttc atgagtcgcc ttcaaaactc tcgtgtaggg 600
ttgacaatgt ggggggggtg gggatccagc ttattctttt attttcaagt ccattcttgg 660
ggctgggtgg gaggcaggag aataccctc cctaagccct tagtgtgtgc cgagcttgct 720
ttgtgatgtt ggcaggggag gggagacctg ggtgggtgact gaggttccct tatcaaacc 780
ttcaatgggc acaaaattga gtgcttgatt ttaggtttta tttttttatg aatgtccaaa 840
tctgtgtttc cccctgccct cccagactgt gtggccagtt gaaagtgtct ggtttgtgtt 900
catctctccc tcatttctgg agcagggcct gagaccctgc cacatctcct atgctctgca 960
tccacgcctc ttttgacat taaaggttga ttgatgcaaa acaactttac aacgggggtg 1020
cttggggaag cctgggggtg gccggcttat ggggttgcg cg 1062

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1471 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

attacaggca tgagccactg taccagcct ttccttataa aattcaaaga gaaaatttct 60
acacctttat cctcaaata aaacaagtgc tcagttctta ccgtgccctt gcaagggtcta 120
tatgtaaaag aaatctgaaa ttagctgtga gaataaaact tgataaataa aaagaaaaaa 180
catacatttc tccagttggt ttgctctttg ctgtgtgaag taataaaccg ttttaaagag 240
aaaatacttg ctgtaaaccc ccagtgcctt caactctttt ggcagaatat ttttaaagaa 300
atccagcaag caaactttga ggtgctaata aaagtaaagg aaggtggtat ttctagtttt 360
ggcagaaatg aaaagtgtct cacaagagac atcactaccc acgtgggggc tggctgcttt 420
ctaccaaaaga catttagaga agaagtgaat tgagtcaggg tgatggtgaa cactacatat 480
tttatagatg gttaagtga gaattaatta gttttatcat ggatggctac taataccaag 540
ctcatgattg ttgcagcctc aacgtcttag gcagtaaaac ttgtctgcag cactaaaggg 600
ggagaaaccc ttatatattg caaactgtcc attcgtaaaa tttattgtaa cctaatacca 660
aaaactgccg tttttcatat tatttcccca cctcctactt tttttttttt tttttgctac 720
ttgtaaaata acccttctta gaaaataagc attaactgga atgtttcaaa caattttgct 780

```

```

tcatttttact atcagccact agtgaactct tacagagatg tacattttaag ataaaaattag 840
cttgtgctaa gtgttttaaa aacattgttt actgttaaag gggaattgca cattatatatt 900
aactgggatt gctccctccc tcagttcttt aaaaaacaag agtcaaggct cacaccaact 960
tgtaggctgt gggagctttg ccataggtag atacaatgta gaagtatact tttttaaaagc1020
atgaagaaga caaggaactt cattataatg taccaggtag aggacattat tattcaaaggi1080
attatgcaca gctcagtga gatgaagtta caatttttct cgcagctttg ttgctattat1140
tttcttctgc ataaatgtat gctcatttca ttatgtgctt tgctccctga ttgtgcaaag1200
cttatatata tatatatata gatagataga tagatagata gatatatgag agagatatat1260
tcagtactac tgaggatgtt tttctgagga tgtttttgtt ctgctggatt aagttatttt1320
ccaagttact cttgccagtt atgtcagtaa actattgtaa tggcttagca cactagtcgt1380
acagtcagtg taaatgtttt tcatttacat gttttcatta tatcagctta tcaaattcct1440
ataaaaaaaa attcatagat ttcatttaaa c
1471

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2738 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

gtccgtgcc agcatgetac cctgggaggc acatccaggc ttgggaaacg ggggtgtcct 60
ggatctcatg actccagcag caccagctgc tctctttcct cttccaagta gacttccgtt 120
cccccccccac ttgggtgttt ttgtttgttt tagcaattca gagctcaaga taaagacctt 180
aaagataact ttgtgtgtct ctccctttct aggtatttgc ataggaatca gaggagttaa 240
tcttgtctct tctcacaggt ttgaatcttc agacaaactt ctgggaggac tcggtccatg 300
cctcgcagca gatgttccct gtcaatcagt aggcaaattg gctacccatt ctccccagaa 360
atctcaccag tgtgtctact gtgagaagac gttcaaccgg aaagaccacc tgaaaaacca 420
cctccagacc cagcacccca acaaaatggc ctttgggtgt gaggagtgtg ggaagaagta 480
caacaccatg ctgggtctata agaggcacct ggccctccat gcggccagca gtggggacct 540
cacctgtggg gtctgtgcc tggagctagg gagcaccgag gtgctactgg accacctcaa 600
agcccatgcg gaagagaagc ccctagcgg aaccaaggaa aagaagcacc agtgcgacca 660
ctgtgaaaga tgcttctaca cccggaagga tgtgcgacgc cacctggtgg tccacacagg 720
atgcaaggac ttctgtgcc agttctgtgc ccagagattt gggcgcaagg atcacctcac 780
cggcataacc aagaagaccc actcacagga gctgatgaaa gagagcttgc agaccggaga 840
ccttctgagc accttcaca ccattctgcc ttcattccaa ctgaaggctg ctgccttgcc 900
tcctttccct ttaggagctt ctgcccagaa cgggcttgca agtagcttgc cagctgaggt 960

```

```

ccatagcctc accctcagtc ccccagaaca agccgcccag cctatgcagc cgctgccaga1020
gtccctggcc tccctccacc cctcggtatc ccctggctct cctccgccac cccttcccaal080
tcacaagtac aacaccactt ctacctcata ctccccactt gcaagcctgc ccctcaaagc1140
agatactaaa ggtttttgca atatcagttt gtttgaggac ttgcctctgc aagagcctcal200
gtcacctcaa aagctcaacc caggttttga tctggctaag ggaaatgctg gtaaagtaaa1260
cctgcccgaag gagctgcctg cagatgctgt gaacctaaaca atacctgcct ctctggacct1320
gtcccccttg ttgggcttct ggcagctgcc ccctcctgct acccaaaata cttttgggaal380
tagcactctt gccttggggc ctgggggaatc tttgccccac aggttaagct gtctggggca1440
gcagcagcaa gaacccccac ttgccatggg cactgtgagc ctggggccagc tccccctgcc1500
ccccatccct catgtgttct cagctggcac tggctctgcc atcctgcctc atttccatcal560
tgcattcaga taattgattt ttaaagtgtat ttttctgtat tctggaagat gttttaagaal620
gcattttaaa tgtcagttac aatatgagaa agatttgga aacgagactg ggactatggc1680
ttattcagtg atgactggct tgagatgata agagaattct cgaactgcat gtattgtgcc1740
aatctgtcct gagtggtcat gctttgtacc aaatttaatg aacgcgtgtt ctgtaatcaal800
actgcaaata ttgtcataac caacatccaa aatgacggct gctatatata agtgtttgtc1860
atatggaatt taatcgtaag ccatgatcat aatgttaact aaataacttt atgtggcact1920
gcctagtaag ggaactatgg aaaggtttgg atttctccaa atctgggaga attttcaaaa1980
taagaaaata acctttatat gatatactat gactaggctg tgtatttctt ttcagggtatt2040
tttctacctt cagggttgga tgtagttag ttactattac catagccaac ctgtagtttt2100
acataacat tttcttgtag agcaatagag ttctccattt tacagaagca ttttaaatgt2160
agtttgaata ttttccacaa gatgctgcaa tgtgagttat cacttcattt atcttaaaga2220
aagactaaac tggttgtcag ttacatctga cagaaaaaaa aaaaaaatca ctgtgtaacc2280
aggttaagt gtaaaataat ccaggcgcca gtcaaaggca ttttgctgac ttaaatattg2340
attatatttt taacaggaat ttaagaaaat attactggaa ttaaaaaatat atatatatta2400
aacaagaatt ttctttgctc tgtctagctt aaactactac tcaagctgct taagttctta2460
agtattgttt gtaatcacca ataaataagt gcatttgtaa ttcacagtc attattagct2520
tttattaaaa gaagattacg ttttacaatg taactataat ctcttgaatt tggatctta2580
ttaatgagtt ttaaagatgt aaaacctaac cttttttaaa gctccattgt cttatgtttt2640
tagaggcttt tccgtaaaca tatatcttac atataataaa cttttcaaat cttgcaaaaa2700
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa

```

2738

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1710 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

cgccgcggcc cctcctccca gagcggcagc cttttcccg c ggcgtgctgcc ttcgcgcgtc 60
gggcccgcgg ggggaaaaca tggcgtctgc cctgggagcag ttcgtgaaca gtgtccgaca 120
gctctcagct caagggcaaa tgacacagct ttgtgaactg atcaacaaga gtggggaact 180
ccttgccaag aacttatccc atctggacac tgtgctcggt gctctggatg tacaagaaca 240
ctccttgggc gtccctgctg ttttgtttgt gaagttttct atgccagtg ttcctgactt 300
cgaaacgcta ttctcacagg ttcagctctt catcagcact tgtaatgggg agcacattcg 360
atatgcaaca gacacttttg ctgggctttg ccctcagcta acaaatgcac ttgtggaaag 420
aaaacagtga caacataaga tccaatgtgc tgccatcttt gagaacttat ctgaaagaga 480
tgtcatttct gacagccctt gcgaggaatt ggcctcctta agcaagccat agacaagatg 540
cagatgaata caaaccagct gacctcaata catgctgac tctgccagct ttgtttgcta 600
gcaaaatgct ttaagcctgc ccttccatat cttgacgtgg atatgatgga tatctgtaaa 660
gagaatggag cctatgatgc aaaacacttt ttatgttact attattatgg agggatgatc 720
tatactgggc tgaagaactt tgaagagct ctctactttt atgaacaggc tataactact 780
cctgccatgg cggtcagtca tatcatgttg gaatcatata aaaagtatat ttagtgtct 840
ttgatattac ttggcaaagt acaacagcta ccaaaatata catctcaaat tgtgggtaga 900
ttcattaagc ctcttagcaa tgcataccac gagttagcac aagtgtattc aaccaacaac 960
ccctcagaac tccgaaacct ggtgaataag cacagtgaac ccttcactcg cgataacaac 1020
atggggctgg tgaagcaatg cttgtcatct ctttataaga agaattattc gaggctaaca 1080
aagacctttt taactctatc attacaagat atggcaagtc gtgtgcagtt gtctggacct 1140
caggaggcag agaaatacgt tctgcacatg atagaagatg gtgagatttt tgcaagtatt 1200
aaccagaagg acggtatggt cagtttccat gataaccttg aaaaatataa taaccagacc 1260
atgcttcata acattgatca ggagatgctg aagtgcattg agctggatga gcggctgaaa 1320
gccatggacc aggagatcac agtgaacct cagtttgtac aaaagagtat gggctcaca 1380
gaagatgatt caggaaacaa accatccagt tattcttgaa actaacatcc atcctgagct 1440
aaacaagaga aactaccatc ttggccagtg acaagtgttc ggagggcagc agagaggacc 1500
aagcctgtgt cacctggaga ctaagaaatt aagttttgtt ttgacatctt cagtcctgtg 1560
tgctttcaga aaaccatttt ctctgcaaag aaaggaaaca gatttgcaaa ctttaaagtc 1620
tgtcgtggat ttatttatcc tcagattatt gttactgcat taaatctacc tttttgtttt 1680
aagttgcttg aacattaaaa aaaaaaaaaa 1710

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3159 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

cgctggataa aagcattaac catcagatcg agtctcccag tgaaaggcgg aagtctataa 60
gtggaaagaa gctgtgctct tcctgtgggc ttcccttggg taaaggagct gcaatgatca 120
tcgagaccct caatctctat ttccacatcc agtggttcag gtgtggaatt tgtaaaggcc 180
agcttggaga tgcagtgagt gggacggatg ttaggattcg aaatggtctc ctgaactgta 240
atgattgcta catgcgatcc agaagtgccg ggcagcctac aacattgtga cacggctttc 300
aagcttccgg atcactcacc atttctttac tgagagtgtc ccctggcaac tgcttaacaa 360
aatcccaagc tcaggggctt ctccagcattt acctaatctc tgaaaggctc ttctgaaagg 420
tggtatctgt tctttcgtag cacagtgttt atgtttttcc tgtttattgt ttggggtttt 480
tggttttttt ttgcatttgc acagtataca caaaagaata tgggggttgta atgatactga 540
atagctcaaa aaagggtttta gcatggtcaa acaggcttat ggtttaaaat gtgttattct 600
cttctttggg aattagctaa atgatgcaat aaacctgttt tgttttagaa tgtctaggaa 660
ttaaacactt tatgtttaca gaattgagct gcagaaagtg caagacatgc caatttgaga 720
cacacggtct tctaagactg aaggataaat ttaatgcatt tcagaaacta aacatcacag 780
caagctctat ctctgagcta taatttgttt ttaatgcaaa gacactagtt tgataatata 840
tactgtaatc ctgaaacatt tgtgttactt accttggag gtagaaatta taccaataaa 900
ttattgcacc gttagtatta gattctgtgt accttggag ttatgtcatt aatataggct 960
ggttcatcaa ataaagcaaa accttgcaat atcagctaga ttacactcc gggacgttgc 1020
ccaaaggtag gaagaaagca gagggaaata ttccagtcac catttccaaa gtcattatca 1080
aaatctgtga ggaagttaa tcttccaaa agtcaatgtc agacatcagg cctctgttgc 1140
ctgcttctct cgaggcacta gattaggagt cttcaataag agacttaaca tgaggatat 1200
ggaagatgag gcaccgagat aagttcatca ttaggtgtga gcaactgtca cccttgctgg 1260
caagttctcc ttaagggcct gaagcacagg tgtccaaaga aaagcgtaa gtccatctta 1320
atagaatcta tgtggtatat gatgtgtgca gcccctggtc tgtgatcagc aagaacctac 1380
agcacagatt atgccctgcc cacttcaatg aatacctact ctctccatt ctccatcatt 1440
ttttttgcta tcaagaactc cggaccttgc ccatggagaa gtttagagag gaactcttgt 1500
ggagagctgg ttatttttct gccctgtgag acgagtttca gctggccaag aaaggagtca 1560
agttattaaa aagcatcaca atgtagatct ccaggctggg tttttgtttt ttgtgttaal 1620
gactggggaa agggggacta ttatttctgc cttaaatcaa tggcaaataa gtcaagatga 1680
cattttgtga atgtagacta tggatacact cctaatagat tgatgtagtc ataaaagggg 1740
gtcaagtaga tgtttttctg ttatgtaagc aataattttt ccgtgtctta ttgagtatgg 1800
ctagcgatta ttattacat gctagatggg ttctttgcat gtgggttcca tatagggtgc 1860
gaaatttctt cagccactgg agggatttct accatatattg tcatttggat gagctgttat 1920
tagattgaaa tctacacatc atttcattaa aaattgtgcc ttagaaaacg caaagctgtt 1980
gcacatggcg ataaattatg gatgcagtac attgaagaga gatgaagtca cttccaagtt 2040
tccaagactt ctcatggagg tgtttgctgt ttacaggaa aaaataaaaa taaaaaaga 2100
aaaaaaagag aaaaaattaa attcaaaaat tgttttgaaa atgtacagat caagtccaat 2160
attttgatta tccacctgca tgttttatta aatattttga taatgtggat gtttacactt 2220
tgcatgatat tagcagagta ccactagtaa tgcacaaaca tgtacaatat ggtcattcat 2280
aaccgatttt tatagaatac tttttacatg tgcaactcca tccgttatgt aaggattaca 2340
tgaatattgc acattccctt ctggtttcac aaacctattt atacatattt cttagttagg 2400
ctcattgtac atgtattgaa gctagaatcg agtcaagaaa aataaagccc cattctccaa 2460
ctgcaaaatg tgctttccca taatgaacac tagtcaccag cacagaataa tctccaacat 2520
tttctaaatt ctaattgcca actgtttcta tttatatattg atttatatatt catttgaggt 2580
ctgttacatg gcagcttagg cagactagat cttgtttttt ccaatgcagc ataatgagta 2640
tgatctattt cttttcaaat aatcttttag atcccaggaa aaaaaaatg ctctgtcca 2700
ttgagctata atgtaaatgt gttgttttaa aaaaagggtg aggcaagtga gtgatttatt 2760
gttcctgagg aagtatatct gatttttttt ctcatactcc aaaagctagt ccctactctt 2820
taataaaaaa aatgggtaac tttttgtttt tcaactagcg acttccatga catttccttt 2880
ctatgtagtg tgattaatgc aatacatatt atagtatatc atacacagtg taagatttaa 2940
caaactgaaa tgatccacct catatgtgag tccgtccaaa agatgttact gctctgggtg 3000
ggccagtgtt ctatatcggt tatactaact ttcatthaaa gtatttatcc taaaatgcct 3060
ctgagaaaca gtaaaaaata aaaacaacaa gttgtctaaa atgcaacagc ttttatagta 3120
aatgtacatt tataaataaa atactcaaat caaaaaaaa 3159

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1680 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```
aataatttga tgcattctgga atttatattt ctcatattgt ttagattttt aacattgtat 60
ttttttcttt tttcttccct cctgctgcc tctctcctct caacagtcct ggtacctggg 120
ctagcttggg tcttttccaa gtgtcaaata ggacacccat cttaccggcc aatgtccaaa 180
attacggttt gaacataatt ggagaaacct tcttcaagc agaaacaagc aactgaggga 240
aaaagaaaca caacaatagt ttaagaaatt ttttttttaa ataaaaaaaa ggaaaagagg 300
aagactggac aaaacaacac aaaggcagaa aggaaagaaa ctgaagaaag aagataatag 360
accagcaatt gcagcactta caatcactaa ttcccttaag gttgaaactg taatgacata 420
aaaagggtcg atgatatttc actgatggta gatcgagcc cctgcaacgt agcctttgtt 480
acatgaagtc cgctgggaaa tagatgttct gtctctatga caatatattt taactgactt 540
tctagatgcc ttaatatattg catgataagc tagttttatt ggttttagtat tcttgttgtt 600
tacgcatgga atcactattc ctggttatct caccaacgaa ggctaggagg cggcgtcaga 660
ggtgctgggt gacagagcca tgagccagcc attttataag cactctgatt tctaaaagtt 720
aaaaaaaaata tatgaaatct ctgtagcctt tagttatcag tacagattta ttaaattttcg 780
gcccttaacc cagccttttc cagtgtgtaa ccagtttga aatcttaaaa aaagaaaaaa 840
tgaaaaaaa aggaaaaaaa gaaaaaagga aaaaaacagt ttgaacacaa aggctctatg 900
gaagaaatgc ctctatgtag gtgaagtgtt ctctctgcat gcaacagtaa aaattaatat 960
aatattttcc ccacaaaaga aacacttaac agaggcaagt gcaatttata aatttatatc 1020
taaaggggaa tcatgattat aagtccttca gcccttggac tctaaattga ggggattaaa 1080
aagaatttaa aataattttg aacgaattta ttttccctc agtttttgag ggcattaaaa 1140
aggcattaaa tcaagacaaa tcatgtgctt gagaaaaata aaattaatga aaacacagca 1200
cttatgttgg tttagctgca gcctccttgg aggtagaatt tatatttata aaattactgg 1260
ttgcatcaag aacctatagg gtgtacaaaa ggttctataa aatctgcatt atagagacaa 1320
agaggcaggc aaatccatgt cacaagggtt aagcttacag ttacaaact gggaacgccal 1380
gggtgttaga tataaaaaacg cactcttgag aaaacaaatg taatcagggt gctgaaaact 1440
tgcattggtc tttcagacat tagccttgtt caacaaattt cttgtattga cagatccata 1500
gtgtgcatgg gcagacacat tttgcctcta tgtctcttaa aattttaatt aaaaataact 1560
tttcagtaa tctaatttg cacgaagata taatgtccac attacgtgcc ttgccttgaa 1620
```

atctaaaaaa caaaaaacaa aaaagaaaag gaacaaaaaa atacaacaaa gtgacatcac1680

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

cattgttttg caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
tagtcacccat ggccctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaaggt tctgacagac 240
aatggaacta cgccctgcatg cccacgccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgtctgt 300
gggaggagat caacaggggt ggcattggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctgga tcgggagtg cagttttact 420
gttgtcgcta cagcaagagg tgcccataatt cctgtctggc aacaacagaa tatccaggct 480
actatgggtga ggaaatggac atgattttcct acaattatga ttactatatc cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaattgtt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
ggaaaggggc cggggacagg aggggtgtcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagttttctg ctgtctctct tcctttctccc tgagctggta actgcaatgc caacttctctg 780
ggcctttctg actagtatca cactttctaat aaaatccaca attaaacccat gttttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttccct gcacaccaca 900
tatacagtg ccatgtctac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
tttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg 1020
agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgta ggttccccac 1080
caaaagcagg ctttctgccc tgagggacat cttcccactc ccctgctcca catgagccat 1140
gcatgtctag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggaggtg 1200
aaatggggaa atggaagggg ttggaggcag agctgaaaac aggggttgaa ggatttccctg 1260
aattagaaga caaacgttag catacccagt aaggaaaatg agtgaggagg ccagggggaa 1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcagagaatg 1380
ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaaa 1440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac 1500
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt 1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca 1620

```

gagatggcgc tatcttttcc cctcctgtga tgcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680
 ttacaaaaga aataaaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

ggccatggaa attaaagtgtg aaaaagactt gaagactgga gaaagtacag ttctgtcttc 60
aattacctct gccatcagat gactttaaag gtacaggaat aaaagtttat gatgatggc 120
aaaagtcagt gtatgcagta agttctaata acagtgcagc atacaatggc accgatggc 180
tggcaccagt tgaagtagag gaacttctaa gacaagcctc agagagaaac tctaaatccc 240
caacagagta tcatgagcct gtatatgcca atccccctta caggcctaca accccacaga 300
gagaaacggt gacccctgga ccaactttc aagaaaggat aaagattaaa actaatggac 360
tgggtatttg tgtaaatgaa tccatacaca atatgggcaa tggctcttca gaggaaagg 420
gaaacaactt caatcacatc agtcccattc cgccagtgc tcatccccga tcagtgatc 480
aacaagcaga agagaagcct cacacccgcg aaaaaaggct aatgactcct tgggaagaat 540
cgaatgtcat gcaggacaaa gatgcaccct ctccaaagcc aaggctgagc ccagagaga 600
caatatttgg gaaatctgaa caccagaatt cttcaccac ttgtcaggag gacgaggaag 660
atgtcagata taatatcgtt cattccctgc ctccagacat aaatgatata gaaccggtga 720
caatgatattt catgggggtat cagcaggcag aagacagtga agaagataag aagtttctga 780
caggatatga tgggatcatc catgctgagc tgggttgtgat tgatgatgag gaggaggagg 840
atgaaggaga agcagagaaa ccgtcctacc accccatagc tccccatagt cagggtgacc 900
agccagccaa accaacacca ctccctagaa aaagatcaga agctagtcc catgaaaaca 960
caaatcataa atccccccac aaaaattcca tatctctgaa agagcaagaa gaaagcttag1020
gcagccctgt ccaccattcc ccatgtgatg ctccagacaac tggagatggg actgaggatc1080
catccttaac agctttaagg atgagaatgg caaagctggg aaaaaagggtg atctaagagt1140
tgtaccacct atataaacat cctttgaaga agaaactaag aagcatttgc aaatttctct1200
tctggatatt ttgtttatatt tttctgaagt ccaaaaaatt atcattacag tgtaccatat1260
taagccatgt gaataagtag tagtcattat ttgtgaaaaa ttccccaaaaa gctgggggaaa1320
acaaatgtgt aacttttcca gttacttgac acgattcagt ggggggaaaac cagcattttt1380
tattctattg ataccaaagc atttctaata agagcttggt aaatttaaga ataaagttat1440
ttaaaatata aagagtatag tatattaact ggcattgtaa ttttgatgat acaaagattg1500

```



```

aaagatcata ggaaagcatt gcccttcac acagaagtat tcaactctga caaataaata1560
tgtcatcctg aattaaaaat gccttaataa aagtacatcc tcttgctaaa aa 1612

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

agaagtcccc aggcatacgg ccttacctgg ctacactggc aggcaacttc cgaatgcctg 60
tgttgaggga gtacctgatg tctggaggta tctgccctgt cagccggggac accatagact 120
atttgctttc aaagaatggg agtggcaatg ctatcatcat cgtggtcggg ggtgcggctg 180
agtctctgag ctccatgcct ggcaagaatg cagtcacccct gcggaaccgc aagggtcttg 240
tgaaactggc cctgcgtcat ggagctgacc tggttcccat ctactccttt ggagagaatg 300
aagtgtacaa gcagggtgatc ttcgaggagg gctcctgggg ccgatgggtc cagaagaagt 360
tccagaaata cattggtttc gccccatgca tcttccatgg tcgaggcctc ttctcctccg 420
acacctgggg gctggtgccc tactccaagc ccatcaccac tgttgtggga gagcccatca 480
ccatccccaa gctggagcac ccaaccagc aagacatcga cctgtaccac accatgtaca 540
tgagggccct ggtgaagctc ttcgacaagc acaagaccaa gttcggcctc ccggagactg 600
aggtcctgga ggtgaactga gccagccttc ggggccatt ccctggagga accagctgca 660
aatcactttt ttgctctgta aatttggaag tgtcatgggt gtctgtgggt tatttaaaag 720
aaattataac aattttgcta aaccattaca atgttaggtc ttttttaaga aggaaaaagt 780
cagtatttca agttctttca cttccagctt gccctgttct aggtgggtggc taaatctggg 840
cctaactctg gtggctcagc taacctctct tcttcccttc ctgaagtgac aaaggaaact 900
cagtcttctt ggggaagaag gattgccatt agtgacttgg accagttaga tgattcactt 960
tttgccccta gggatgagag gcgaaagcca cttctcatac aagccccctt attgccacta1020
ccccacgctc gtctagtctt gaaactgcag gaccagtttc tctgccaaag ggaggagt1080
gagagcacag ttgccccgtt gtgtgagggc agtagtaggc atctggaatg ctccagt1140
atctcccttc tgccaccctt acctaccccc tagtcactca tatcgagcc tggactggcc1200
tccaggatga ggatgggggt ggcaatgaca gctgcaggg gaaagagctt tcgcccgtgg1260
acgattttag ggggggtttc gccaccagtt ggtgtggggg gtta 1304

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1533 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

gcgaggagct ggcacgcagc cagggccttt gctcaagaag ccataccagc caagaattaa 60
aatctctaaa acatcagtgg atggtgatcc ccactttgtt gtggatttcc ccctgagcag 120
actcaccttg tgcttcaaca ttgatgggca gcccggggac atcctcaggc tgggtctctga 180
tcacaggggac tctggtgtca cagtgaacgg agagttaatt ggggcacccg cccctccaaa 240
tggccacaag aaacagcgca cttacttgcg cactatcacc atcctcatca acaagccaga 300
gagatcttat ctcgagatca caccgagcag agtcatcttg gatggtgggg acagactggt 360
gctcccttgc aaccagagtg tgggtgggtgg gagctggggg ctggagggtg cctgtgtctgc 420
caacgccaat gtcaccgtca ccattccaggg ctccatagcc ttgtcatcc tcatccacct 480
ctacaaaaag ccggcgccct tccagcgaca ccacctgggt ttctacattg ccaacagcga 540
gggccttttc agcaactgcc acggactgct gggtcagttc ctgaatcagg atgccagact 600
cacagaagac cctgcagggc ccagccagaa cctcactcac cctctgtctc ttcaggtggg 660
agaggggcct gaggcctgcc taacagtga aggccaccaa gtcccagtgg tctggaagca 720
aaggaagatt tacaacgggg aagagcagat agactgctgg ttgcccagga acaatgccgc 780
caaactgatt gacggggagt acaaggatta cctggcatcc catccatttg acacagggat 840
gacacttggc cagggaatgt ccagggagct ctgaagctgg cagccttaaa gatgcaagt 900
catgaaggac agtgatgtgg ggaggccgtg gggcagctct ttcatggct tgtacacgcc 960
tcagctcttg gcaattagct ggactccatg acccaccctt ggtgcagcat agatccgacg 1020
tctgtctggg cgaagggtag ggggtgggtg gggcggaag cctgagtgc aatgtcattt 1080
ccctctactg cctcttctct cctctcccca ccctgcccac atccacagag gggagagaag 1140
ggtcatagct aaatgcaaca aagtctgtat cttgtcccaa cctgcttttc tgttctgtta 1200
gcatatcata aagtaagcct ttctggtgaa ggaagggttg tatgaaactt ttttcttgg 1260
tggaaatggc caagtttagg cactctgctt ttgccttac actaatgctt agaaagctgt 1320
cttttcagtg gtgttgacgc cccagatgt gtggccaacc tctgtgcaa aggaatctct 1380
tgctgagtc aggccaccaa tcaggcaaat agcccatata ttgatcgtt gtaaaccatg 1440
aagtcttttc ttgcaagacg ttttctctct gctgtggtat cttgccctta aaaattagtt 1500
ttcattaaaa agaaatttga ttgaaaataa aaa

```

1533

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaacctctt aaaatcagtt tacgtcttgt 60
atthttgttct gtgatggagg acactggaga gagttgctat tccagtcaat catgtcgagt 120
cactggactc tgaaaatcct attggttctt ttatthttatt tgagthttaga gthcccttct 180
gggtthttgat tatgtcttggc aaatgacctg ggttatcact thtctctccag ggttagatca 240
tagatcttgg aaactcctta gagagcattt tgctcctacc aaggatcaga tactggagcc 300
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc thtctgttgc tgtctcttgc 360
catgcaactg tgcggtgatt acacacttga cagtaccagg agacaaatga cttacagatc 420
ccccgacatg cctcttcccc ttggcaagct cagttgccct gatagtagca tgtttctgtt 480
tctgatgtac cthttttctc thtctcttgg catcagccaa thcccgagaat thccccaggc 540
aattthttaga ggacctthttt ggggtcctat atgagccatg thctcaaagc thttaaacct 600
ccttgcctctc ctacaatatt cagtacatga ccactgtcat cctagaaggc thctgaaaag 660
aggggcaaga gccactctgc gccacaaagg ttgggtccat cthctctccg aggtthttgaa 720
agthtttcaaa ttgtactaat aggtctggggc cctgacttgg ctgtgggctt tgggaggggt 780
aagctgctth ctatgctctc cccagtggag catggagggt thtctgaatt thgtctacct 840
cacagggatg ttgtgaggct tgaaaaggct aaaaaatgat ggcccccttga gctctthttga 900
agaaaggtag atgaaatatc ggatgtaatc tgaaaaaaag ataaaatgtg acttccccctg 960
ctctgtgcag cagtcgggct ggatgctctg tggcctthct tgggtcctca tgccaccccc 1020
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggactthcag atgthttgaca aagaggtacc 1080
aggcaaacct cctgctacac atgccctgaa tgaattgcta aatttcaaag gaaatggacc 1140
ctgctthttaa ggatgtacaa aagtatgtct gcctcgatgt ctgtactgta aatttctaatt 1200
ttatcactgt acaaagaaaaa ccccttgcta thtaatttht tattaaagga aaataaagtt 1260
ttgtthttgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1304

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
gtccctggcg ccctgccttt agccgtgggg cccccacctc caccctctgg gtttccctagg 60
aatgtccagc ctccggagacc ttcacaaagc cttgggaggg tgatgagtgc tggtcctgac 120
aagaggccgc tggggacact gtgctgtttt gtttcgtttc tgtgatctcc cggcacgttt 180
ggagctggga agaccacact ggtggcagaa tcctaaaatt aaaggaggca ggctcctagt 240
tgctgaaagt taaggaatgt gtaaaacctc cacgtgactg tttggtgcat cttgacctgg 300
gaagacgect catgggaacg aacttggaca ggtgttgggt tgaggcctct tctgcaggaa 360
gtccctgagc tgagacgcaa gttggctggg tggtcacac cctggctctc ctgcaggctc 420
acacaccttc caggcctgtg gectgcctcc aaagatgtgc aagggcaggc tggctgcacg 480
gggagagggg agtattttgc cgaaatatga gaactggggc ctctgctcc cagggagctc 540
cagggccccct ctctcctccc acctggactt ggggggaact gagaaacact ttcttgagc 600
tgctggcttt tgcacttttt tgatggcaga agtgtgacct gagagtccca ccttctcttc 660
aggaacgtag atgtcggggg gtcttgccct ggggggcttg gaacctctga aggtggggag 720
cggaacacct ggcaccttc cccagcactt gcattaccgt cctgctctt cccagggtgg 780
gacagtggcc caagcaaggc ctactcgca gccacttctt caagagctgc ctgcacactg 840
tcttgagca tctgccttgt gectggcact ctgccgtgc cttgggaagg tcggaagagt 900
ggactttgtc ctggccttcc ctcatggcg tctatgacac ttttggtgtg atggaaagca 960
tgggacctgt cgtctcagcc tgttggtttc tcctcattgc ctcaaaccct ggggtaggtg 1020
ggacgggggg tctcgtgccc agatgaaacc atttgaaac tcggcagcag agtttgtcca 1080
aatgacctt ttcaggatgt ctcaaagctt gtgccaaagg tcacttttct ttctgcctt 1140
ctgctgtgag ccttgagatc ctctcccag ctcaagggac aggtcctggg tgagggtggg 1200
agatttagac acctgaaact gggcgtggag agaagagccg ttgctgtttg ttttttggg 1260
agagctttta aagaatgcat gtttttttcc tggttggaat tgagtaggaa ctgaggctgt 1320
gcttcaggta tggtaacaac aagtggggga ttttcatgct gaaccattca agccctcccc 1380
gcccgttgca ccacatttgg ctggcgtctg ctggagagga tgtctctgtc cgcattcccc 1440
tgcagctcca ggctcgcgca gttttctctc tctccctgga tgttgagtct catcagaata 1500
tgtgggtagg ggggtggacgt gcacgggtgc atgattgtgc ttaacttggg tgatattttc 1560
gatttgacat ggaaggcctg ttgctttgct cttgagaata gtttctcgtg tccccctcgc 1620
aggcctcatt ctttgaacat caactctgaa gtttgataca gataggggct tgatagctgt 1680
ggtccccctc cccctctgac tacctaaaat caatacctaa atacagaagc cttgggtctaa 1740
cacgggactt ttagtttgcg aagggcctag atagggagag aggtaacatg aatctggaca 1800
gggagggaga tactatagaa aggagaacac tgccactttt gcaagccagt gacctgcc 1860
ttgaggggac attggacggg ggccgggggc ggggggttggg tttgagctac agtcatgaac 1920
ttttggcgct tactgattcc tccaactctc cccccacaa aataacgggg accaatatt 1980
ttaactttgc ctatttgttt ttgggtgagt tccccctc cttattctgt cctgagacca 2040
cgggcaaagc tcttcatttt gagagagaag aaaaactgtt tggaaccaca ccaatgatat 2100
```

```

ttttctttgt aataacttgaa atttattttt ttattatttt gatagcagat gtgctattta2160
tttattttaat atgtataagg agcctaaaca atagaaagct gtagagattg ggtttcattg2220
ttaattgggt tgggagcctc ctatgtgtga cttatgactt ctctgtgttc tgtgtatttg2280
tctgaattaa tgacctggga tataaagcta tgctagcttt caaacaggag atgcctttca2340
gaaatttgta tattttgcag ttgccagacc aataaaatac ctggttgaaa tacaaaaaaa2400
aaa
2403

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2517 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

cagagtgtgaaa ccttgtgcct ggtgacccaaa gtccctccaa agtgcctcttc cttctggggtt 60
attcaagcca aatatctggg ttccccctc tctcattcc ctagcaaac ccaattatct 120
tccaagatag gagatatttc ccatccccctt cctttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
agcccaggag cctattcctg gcatggatgt tctgtccaca cttgaggctg ggcgggtgat 240
cagacccttc aagcagcctg gctggggccc aggactgagt ctgggggtcag ctttcacggt 300
cgcttttccc ttcgtcacca cccaccacag cccaccttgc atgcatggcc agccccctca 360
ctccagcctg agccatgtgt gccctgtcgg gaggaccat tcatgccaga aagctggtaa 420
ctccctccca gcatccctgc ggaaggagtc agtttctgag agtgtgactt ttcaaggcga 480
atgatgggga agggttcccc agtccccaca gtggccccac ctctgggccc tgcaccagag 540
cccttctgtg tcacggcggg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 600
gcactgcagt atattcttgc caaagatttc ctttaaaagc aagcactttt actaattatt 660
atthtgtaaa tgtttatctt cttctgtctt ctccctccct gaatctatth tactgttgtt 720
tattgttgaa tctgtgtgtc agccaggaga gcgctgtctg gccttgaaca tgggctggga 780
tgggaaaggg tctgggagaa gatgggcaac aaagagccag ggagtcatgg acatgcgagc 840
gacgcagacc ccagcagggt cagtcccgtg ctgccaccag ctgtccagct ggggtgtctg 900
agggaaagag gcagaggagg gtcatgtccc ttcagctggg ggagggggccc agtgagctcc 960
acgtggcttt ttcccaaagg gagcaagagg gaaggattgg gcgagaaaac aatggagagg1020
ggacctgcga aggaaaacag ggaggaagtg agcggtttga tcagcctgtc atcacggtgt1080
tctggctctc ttatttagcc aggcgtttaa gggacagata catcacatcc taagtttggg1140
aaaggccctt gaccatgtc atctgagcgt ctccctcag agctctgaaa gctgtggaca1200
ccaatggcca ggattccttc tcccctgggt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg1260

```

```

ccaggagagg gatggtgggg ccagtgggtg tgtgaaagca ggaggggcag cccctcctgga1320
caagtgtgat cccctataaa acggctctca ggagggttagt gagtaggaga ttctgccttg1380
ttctgatgat cctgtgcagg ggctccaggg gagcatgctg tccagggggc acagaagggt1440
ggtgagtgat atcaaatcta gtctcactcc cacttttttag tctcactcct acttttgtcc1500
accacccctg cctcctggat cttctccacac ttttttttcc agcttttagga cctggggaga1560
tcctgtgagt caaggcagac acccaatcct gccccacac tcgggggtcct ccaagagggt1620
ggggggcaga gtcccagagc agccctttac cccagggtcca ggccttgaa tcttgagact1680
cgcgtttcct tggccagtgg taacacagga cgtgtgtgcg catgtgcaag tgtggatgta1740
tgtgtgtgcg tgtgttttgc tcatttcttt agggaaacttg ggagtcgggg ttggagggtgc1800
tgggcaatgg aacttcaaat tcaatgtgcg ccagcagtga ggggagtcgg gaggtgaggc1860
ctgtaggcca accaattggt ggagtctcag cgatacccag gtgagaagtg gttcaccacag1920
aggggcaggg tgggggcctc gggcagatct gtccctcttg gccctctgt cctcaaatgt1980
ccaaaatgtt ggaggacctc tgttcatatc ccacgccttg gctcttgcca gcagtggagt2040
tactgtagag ggatgtccca agcttggttt ccaatcagt ttaagctgtt tgaaactctc2100
ctgtgtctgt gttttgtttg tgcgtgtgtg tgagagcaca tcagtgtgtg caggctgtgt2160
ttccccattt ctctcctccc ttcagaccca tcattgagaa caaatgtaag aaatcccttc2220
ccaccaccct cctgcctcc caggccctct gcgggggaaa caagatcacc cagcatcctt2280
ccccacccca gctgtgtatt tatatagatg gaaatatact ttatatattt tatcatcgtg2340
cctatagccg ctgccaccgt gtataaatcc tgggtgtatgc tccttatcct ggacatgaat2400
gtattgtaca ctgacgcgtc cccactcctg tacagctgct ttgtttcttt gcaatgcatt2460
gtatggcttt ataaatgata aagttaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2517

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gtatgccctc agaatcacga caactgttgc atgtaacatg gatctgtcta aataccccat 60
ggacacacag acatgcaagt tgcagctgga aactggggct atgatggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgctcag 180
tacaccatag agcggatatt cacttagtc accagatcgc agcaggagac aggaaattac 240
actagattgg tcttacagtt tgagcttcgg aggaatgttc tgtatttcat ttggaaacc 300
tacgttcctt ccacttccct ggtggtgttg tcctgggttt cattttgat ctctctcgat 360
tcagtcctct caagaacctg cattggggag aacaaaggaa gtagaagaag tcagtattac 420

```

```

taatatcatc aacagctcca tctccagctt taaacggaag atcagctttg ccagcattga 480
aatttccagc gacaacgttg actacagtga cttgacaatg aaaaccagcg acaagttcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tgggcaggat tgttgattat ttcacaattc aaaaccccag 600
taatgttgat cactattcca aactactggt tcccttgatt tttatgctag ccaatgtatt 660
ttactgggca tactacatgt atttttgagt caatgttaaa tttcttgcat gccataggtc 720
ttcaacagga caagataatg atgtaaatgg tatttttaggc caagtgtgca cccacatcca 780
atggtgctac aagtgactga aataatattt gagtctttct gctcaaagaa tgaagctcca 840
accattgttc taagctgtgt agaagtccta gcattatagg atcttgtaat agaaacatca 900
gtccattcct ctttcatctt aatcaaggac attcccatgg agcccaagat tacaaatgta 960
ctcagggtct tttattcggt ggctccctgg tttgcattta cctcatataa agaatgggaa1020
ggagaccatt gggtaaccct caagtgtcag aagttgtttc taaagtaact atacatgttt1080
tttactaaat ctctgcagtg cttataaaat acattgttgc ctatttaggg agtaacattt1140
tctagttttt gtttctggtt aaaatgaaat atgggcttat gtcaattcat tgggaagtcaa1200
tgcactaact caataccaag atgagttttt aaataatgaa tattatttat tcccacaaca1260
gaattatccc caatttccaa taagtcctat cattgaaaat tcaaatataa gtgaagaaaa1320
aattagtaga tcaacaatct aaacaaatcc ctcggttcta agatacaatg gattccccat1380
actggaagga ctctgaggtt ttattccccc actatgcata tcttatcatt ttattattat1440
acacacatcc atcctaaact atactaaagc ctttttccca tgcattggat gaaatggaag1500
atTTTTTTTT aacttggtct agaagtctta atatgggctg ttgccatgaa ggcttgagaa1560
attgagtcca ttttctagct gcctttattc acatagtgat ggggtactaa aagtactggg1620
ttgactcaga gagtgcgtgt ccagtcgtgc attgctgcta ctctaaca 1668

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctccgaggcc aggaacgctc cgtctggaac ggccgcagact tttgccatgg gcttcatgac 60
gggcaccatt tccagtatgt accaaaccaa agccgtcatc attgcaatga tcatcactgc 120
ggtggtatcc atttcagtca ccatcttctg ctttcagacc aaggtggact tcacctcgtg 180
cacaggcctc ttctgtgtcc tgggaattgt gctcctgggt actgggattg tcactagcat 240
tgtgctctac ttccaatacg tttactggct ccacatgctc tatgctgctc tgggggcat 300

```

```

ttgtttcacc ctgttccctgg cttacgacac acagctgggc ctggggaacc ggaagcacac 360
catcagcccc gaggactaca tcactggcgc cctgcagatt tacacagaca tcatctacat 420
cttcaccttt gtgctgcagc tgatggggga tgcgaattaa ggagcaagcc cccattttca 480
cccgatcctg ggctctccct tccaagctag agggctgggc cctatgactg tggctctggc 540
tttaggcccc ttctctcccc cttgagtaac atgcccagtt tcctttctgt cctggagaca 600
ggtaggcccc ctggctatgg atgtgtgggt acttgggtggg gacggaggag ctagggacta 660
actgttgctc ttgggtgggt tggcagggac taggctgaag atgtgtcttc tccccgccac 720
ctaactgtatg acaccacatt ctctctaaca gctgggggtg tgaggaatat gaaaagagcc 780
tattcgatag ctagaaggga atatgaaagg tagaagtgaac ttcaaggtea cgaggttccc 840
ctccacacct tgtcacaggg ttcttgacta cgtagtggga gctatttctt cccccagcaa 900
agccagagag ctttgtcccc ggctcctctg acacataggc cattatcctg tattcctttg 960
gcttggcctc ttttagctca ggaaggtaga agagatctgt gccatgggt ctcttgctt 1020
caatcccttc ttgtttcagt gacatatgta ttgtttatct gggttaggga tgggggacag 1080
ataatagaac gagcaaagta acctatacag gccagcatgg aacagcatct cccctgggct 1140
tgctcctggc ttgtgacgt ataagacaga gcaggccaca tgtggccatc tgtccccat 1200
tcttgaaaag tgtgggggc tccttgacag cttctggatc tctggtcaga gtgaactct 1260
gcttctgtga ttcaggcagc tcagagcaga aagtaagggg cagagtcata cgtgtggcca 1320
ggaagtagcc aggggtgaaga gagactcggg gcgggcaggg agaattgctg ggggtccctc 1380
acctggctag ggagataccg aagcctactg tggtaactgaa gacttctggg ttctttcct 1440
ctgctaaccg agggagggtc ctaagaggaa ggtgacttct ctctgtttgt ctttaagttg 1500
actgggggat ttctgacttg aggccatct ctccagccag ccactgcctt ctttgtaata 1560
ttaagtgcct tgagctggaa tggggaaggg ggacaagggt cagtctgtcg ggtgggggca 1620
gaaatcaaat cagcccaagg atatagttag gattaattac ttaatagaga aatcctaact 1680
atatcacaca aagggatata actataaatg taataaaatt tatgtctaga agttaaaaaa 1740
aaaaaaaaa gtaaaattaa tttgtgtt

```

1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3479 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

ccaggagaca ccttcggccc agatggaagg ctctctcaat cggaaacacg agtgggaggc 60
ccacaataag aaagcctcaa gcaggctctg gcacaatgtt tattgtgtca taaataacca 120

```


| | | | | | | |
|-------------|-------------|-------------|------------|-------------|-------------|------|
| agaaatgggt | ttctacaaag | atgcaaagac | tgctgcttct | ggaattccct | accacagcga | 180 |
| gggtccctgtg | agtttgaaag | aagctgtctg | cgaagtggcc | cttgattaca | aaaagaagaa | 240 |
| acacgtattc | aagctaagac | taaatgatgg | caatgagtac | ctcttccaag | ccaaagacaa | 300 |
| agagaagcgg | ttcagccttt | ttggcaaaaa | gaaatgaact | cctttccttc | acctcctgcc | 360 |
| cttctcttac | cttttcagtc | aaactccagc | acgcaagctc | attgacacaa | gaacacagat | 420 |
| tcttgccgct | tcctatgaac | tgcacaagtt | ttaccacgat | gccaaaggaga | tctttgggcg | 480 |
| tatacaggac | aaacacaaga | aactccctga | ggagcttggg | agagatcaga | acacagtggg | 540 |
| gaccttacag | agaatgcaca | ctacatttga | gcatgacatc | caggctctgg | gcacacaggt | 600 |
| gaggcagctg | caggaggatg | cagcccgctt | ccaggcggcc | tatgcgggtg | acaaggccga | 660 |
| cgatatccag | aagcgcgaga | acgaggtcct | ggaagcctgg | aagtcctctc | tggacgcctg | 720 |
| tgagagccgc | aggggtgcggc | tggtggacac | aggggacaag | ttccgcttct | tcagcatggt | 780 |
| gcgcgacctc | atgctctgga | tggaggatgt | catccggcag | atcgaggccc | aggagaagcc | 840 |
| aagggatgta | tcctctgttg | aactcttaat | gaataatcat | caaggcatca | aagctgaaat | 900 |
| tgatgcacgt | aatgacagtt | tcacaacctg | cattgaactt | gggaaatccc | tggtggcgag | 960 |
| aaaacactat | gcatctgagg | agatcaagga | aaaattactg | cagttgacgg | aaaagaggaa | 1020 |
| agaaatgac | gacaagtggg | aagaccgatg | ggaatggtta | agactgattc | tggaggtcca | 1080 |
| tcagttctca | agagacgcc | gtgtggccga | ggcctggctg | cttgacacag | agccgtacct | 1140 |
| atccagccga | gagataggcc | agagcgtgga | cgaggtggag | aagctcatca | agcggccacga | 1200 |
| ggcatttgaa | aagtctgcag | caacctggga | tgagaggttc | tctgccctgg | aaaggctgac | 1260 |
| tacattggag | ttactggaag | tgcgcagaca | gcaagaggaa | gaggagagga | agaggcggcc | 1320 |
| gccttctccc | gagccgagca | cgaaggtttc | agaggaagcc | gagtcccagc | agcagtggga | 1380 |
| tacttcaaaa | ggagaacaag | tttcccaaaa | cggtttgcca | gctgaacagg | gatctccacg | 1440 |
| gatggcagaa | acggtggaca | caagcgaaat | ggtcaacggc | gctacagaac | aaaggcagga | 1500 |
| ctctaaagag | tccagcccca | ttccctcccc | gacctctgat | cgtaaagcca | agactgccct | 1560 |
| cccagcccag | agtgccgcca | ccttaccagc | cagaacccag | gagacacctt | cggcccagat | 1620 |
| ggaaggcttc | ctcaatcgga | aacacgagtg | ggaggcccac | aataagaaa | cctcaagcag | 1680 |
| gtcctggcac | aatgtttatt | gtgtcataaa | taaccaagaa | atgggtttct | acaaagatgc | 1740 |
| aaagactgct | gcttctggaa | ttccctacca | cagcgaggtc | cctgtgagtt | tgaaagaagc | 1800 |
| tgtctgcgaa | gtggcccttg | attacaaaaa | gaagaaacac | gtattcaagc | taagactaaa | 1860 |
| tgatggcaat | gagtacctct | tccaagccaa | agacgatgag | gaaatgaaca | catggatcca | 1920 |
| ggctatctct | tccgccatct | cctctgataa | acacgaggtg | tctgccagca | cccagagcac | 1980 |
| gccagcatcc | agccgcgcgc | agaccctccc | caccagcgtc | gtcaccatca | ccagcgagtc | 2040 |
| cagtcccggc | aagcgggaaa | aggacaaa | gaaagacaaa | gagaagcggt | tcagcctttt | 2100 |
| tggcaaaaag | aaatgaactc | ctttccttca | cctcctgccc | ttctcttacc | ttttcagtga | 2160 |
| aattccagca | tgcaagctca | gaaccaacac | attactctct | gtgcctaata | ttcctcaatg | 2220 |
| tggttgattt | tttttttttt | ttaatttata | gagcatttct | gggggggtgg | gggaaacaca | 2280 |
| cctaaacact | ttatctccaa | gttacaaaa | tttgagggtg | agagggaagg | ccagattttt | 2340 |
| tttttaata | aattatata | attagatctc | agtattttaa | ctgttcctca | attttgtgag | 2400 |
| gctgtgttgg | aaataaccgc | cctctagtgc | tggttggtat | caaggcagcg | gtgcttaatc | 2460 |
| aataatttct | gtgtcaccca | gaggcaaaat | gtaccaatat | cctgacacca | ttctctctcc | 2520 |
| atttacttct | ggtggttacc | ctgactcttg | actcttagaa | gtgcccgaga | tggggctaac | 2580 |
| ctttattaaa | cagatcgcat | attatgatct | tgctgcagcc | acagtgcagc | tccacattaa | 2640 |
| ctctacagac | caaaccattt | gtatctggca | tcacttacta | acacacgaca | tgcggttttt | 2700 |
| ctgcatcaac | tgctatgacg | gttaagaatg | tcagtataca | agaaggaata | gaaaactgat | 2760 |
| actgttttaa | ataatctgta | atttcaattt | tttttttttt | gctgaaatac | atttatattg | 2820 |
| acgtttgaga | taattctagt | acaaagtata | ataaaactag | atgtataata | aaccctttta | 2880 |
| atcattggta | agtgtacaag | tgggtggaact | gaagcattta | ctggacaaa | taatgttact | 2940 |
| ctaattggta | cttgctcgctg | cggtgccaca | ctgtgttata | atttgcttca | tttccttgct | 3000 |
| atttgatata | tagtgtgcat | ttctctgtca | ctgtaactat | tgtaatgaca | aattttcatc | 3060 |
| ttactgcaca | atcaaaatga | cattgatagg | aatgaactcc | agaggctggg | cctgaacagg | 3120 |
| gagggtgtcg | ctcaggcctg | gtgctcagtc | gtacgacctg | tacctctcaa | cttttgccct | 3180 |
| atctgttaaa | tatatgctat | gtcattaaat | gctttttaa | ctaaaaaaa | aaaaagtgtg | 3240 |
| tgttcttctt | ctgctgcgtg | tgcatgccca | gtagggaac | tgcaaagggg | agaaatgaca | 3300 |
| aacaagaaac | attttacaac | cagtctgggc | tcacttttgc | attttttatg | catgtctggt | 3360 |
| gcacaagctt | tgaaaactac | agcaaacagt | aataaatgtg | actgttttgt | agttataaga | 3420 |
| gagaaaaaaa | agaaaaaaga | ggaaaaaana | agaaagaaaa | aagaagagga | ggagagaac | 3479 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 933 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

| | | | | | | |
|------------|-------------|-------------|-------------|------------|------------|-----|
| gctcctccct | tccttctttt | tacatttttag | tcttagcatt | tactttcccc | acccacatt | 60 |
| cttggaacag | ccttttagttc | tacaggaaat | ggcactgatg | gacagaagac | tagcattacc | 120 |
| ttcatgaaag | ggctgttaga | gctgcctggg | aagaaggcgt | gccttgggga | actgggaaga | 180 |
| tgccgtcagt | gtgggtgggc | aggaggacag | ccagtcgtcc | tgctgccagc | ccaatagctt | 240 |
| ccagcggcag | gtgcccagggt | gctaccggag | cccctcatag | gggtaggggc | agggactgca | 300 |
| cctcctccag | gcactcatcg | taagcctcct | ggtactcctc | atggggcttg | accattatca | 360 |
| cacaggtggg | gcgcttggga | cctgcggctg | caccaggtc | cgttcagagg | ggaaagaagt | 420 |
| gctgtttgga | aaaaagctgt | acaacctgta | tgccaggaag | tcaccaactg | atgaccacc | 480 |
| agcctaattc | ggcccacaac | catgtttctgt | tcgggtccatg | ttctatttaa | aagcatcttg | 540 |
| aattggttgc | catcatttta | actcaatcag | actttgaagg | catggtccag | ccacacaggg | 600 |
| cctacattcc | cacatggcaa | ctatgaaagg | gctccagccc | agcaggggct | gtcccgggtc | 660 |
| ctgccacccc | cacttctctgt | gcctcagatc | tgccccctgt | tacgtaagat | aaggacagct | 720 |
| acaggtcctt | ctgagcctaa | acccacctaa | ccggactaac | atgggtgaag | atcttagctt | 780 |
| acaaagctct | ttcacataca | tctatctctt | tattctcata | gtccacagat | aactgactat | 840 |
| ttggttctta | ccatcaggcc | aaacggtaag | ttccttcaga | acagggcctc | ctgctttatc | 900 |
| ccaagaagtg | ataatgtagg | tacccaagat | cca | | | 933 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2783 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```
gacttttaaaa aaattttttac agttatTTTT attttgtaga atgagctgaa agccagtggt 60
ggcgaaatca aaattcataa aatggagcaa aaggagaatg tgccccccagg tcttgagggtc 120
tgcattcacc atcaggaagg ggaaaagatt tctgcaaatt agaattagcct ggcagtcctgt 180
tccacccctg ccgaagatga ctcccgtgac tcccagggtta agagttaggt tcaacagcct 240
gtccatccca agccactaag tccagattcc agagcctcca gtctttctga aagttctct 300
cccaaagcaa tgaagaagtt tcaggcacct gcaagagaga cctgcgtgga atgtcagaag 360
acagtctatc caatggagcg tctcttgcc aaccagcagg tgtttcacat cagctgcttc 420
cgttgctcct attgcaacaa caaactcagt ctaggaacat atgcatcttt acatggaaga 480
atctattgta agcctcactt caatcaactc tttaaatcta agggcaacta tgatgaaggc 540
tttgggcaca gaccacacaa ggatctatgg gcaagcaaaa atgaaaacga agagattttg 600
gagagaccag ccagcttgc aaatgcaagg gagaccctc acagcccagg ggtagaagat 660
gcccctattg ctaagggggg tgcctgggt gcaagtatgg aagccaaggc ctctctcag 720
caggagaagg aagacaagcc agctgaaacc aagaagctga ggatcgctg gccaccccc 780
actgaacttg gaagttcagg aagtgccttg gaggaaggga tcaaatgtc aaagcccaa 840
tggcctcctg aagacgaaat cagcaagccc gaagttcctg aggatgtcga tctagatctg 900
aagagctaa gacgatcttc ttactgaag gaaagaagcc gccattcac tgtagcagct 960
tcatttcaaa gcacctctgt tcaagcccc aaaactgtgt cccacctat caggaaaggc 1020
tggagcatgt cacagcagag tgaagagctt gtgggtggaa gagttgcaga aaggaaaaca 1080
gtggaaaatg ccaaggcttc taagaagaat gggaatgtgg gaaaaacaac ctggcaaaac 1140
aaagaatcta aaggagagac agggaagaga agtaagggaag gtcatagttt ggagatggag 1200
aatgagaatc ttgtagaaaa tgggtgcagac tccgatgaag atgataacag ctctctcaaa 1260
caacaatctc cacaagaacc caagtctctg aattggctga gttttgtaga caacaccttt 1320
gctgaagaat tctactactc gaatcagaaa tcccaggatg tggaaactct ggaggggaga 1380
gtgggtcaaag agctctctgt ggaagaacag ataaagagaa atcggtatta tgatgaggat 1440
gaggatgaag agtgacaaat tgcaatgatg ctgggcctta aattcatgtt agtgttagcg 1500
agccactgcc ctttgtcaaa atgtgatgca cataagcagg tatcccagca tgaaatgtaa 1560
tttacttgga agtaactttg gaaaagaatt cttctttaa atcaaaaaca aaacaaaaaa 1620
acacaaaaaa cacattctaa atactagaga taactttact taaattcttc atttttagcag 1680
tgatgatatg cataagtgt gtaaggcttg taactgggga aatattccac ctgataatag 1740
cccagattct actgtattcc caaaaggcaa tattaaggta gatagatgat tagtagtata 1800
ttgttacaca ctattttgga attagagaac atacagaagg aatttagggg cttaaaccatt 1860
acgactgaat gcactttagt ataaagggca cagtttgtag atttttaaat gaataccaat 1920
ttaatttttt agtatttacc tgtaagaga ttatttagtc tttaaatttt ttaggttaat 1980
tttcttgctg tgatatatat gaggaattta ctactttatg tcttgctctc taaactacat 2040
cctgaactcg acgtcctgag gtataatata acagagcact ttttgaggca attgaaaaac 2100
caacctacac tcttcggtgc ttagagagat ctgctgtctc ccaaataagc ttttgatatc 2160
gccagtgaat ttactgtact ccaaattgatt gctttctttt ctggtgatat ctgtgcttct 2220
cataattact gaaagctgca atattttagt aataccttcg ggatcactgt ccccatcttt 2280
ccgtgttaga gcaaatgtaa gagttttaaag gaggaagaag aaagaactgt cttacaccac 2340
```

```

ttgagctcag acctctaaac cctgtatttc ccttatgatg tccccctttt gagacactaa2400
tttttaataa cttactagct ctgaaatata ttgattttta tcacagtatt ctcagggtga2460
aattaaacca actatagacc tttttcttgg gatgattttc tagtcttaag gtttggggac2520
attataaact tgagtacatt tgtgtacac agttgatatt ccaaattgta tggatgggag2580
ggagaggtgt cttaaagctgt aggccttttct ttgtactgca tttatagaga tttagcttta2640
atatttttta gagatgtaaa acattctgct ttcttagtct tacctagtct gaaacatttt2700
tattcaataa agattttta taaaatttga aaaaaaagga aaggggaggg ggggtggagg2760
aaaaaaaaa gggcgccgc cgc

```

2783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

gaagctctgt tgtctcgga acatgtcttg gaattggaga acagcaaggg cccagcctg 60
gcctctttag agggggaaga agataagggg aagagcagct catcccaggt ggtggggcca 120
gtgcaggagg aagagtatgt agcagagaag ttgccaagta ggttcacga gtcggctcac 180
acagagctgg caaaggacga tgcggcgcca gcacccccag tcgcagacgc caaagcccag 240
gatagagggtg tcgagggaga actgggcaat gaggagagct tggatagaaa tgaggagggc 300
ttggatagaa atgaggaggg cttggataga aatgaggaga gcttggatag aaatgaggag 360
ggcttggata gaaatgagga gattaagcgg gctgccttcc agataatctc ccaagtgate 420
tcagaagcaa ccgaacaggt gctggccacc acggttggca aggttgcagg tcgtgtgtgt 480
caggccagtc agctccaagg gcagaaggaa gagagctgtg tcccagttca ccagaaaact 540
gtcttggggc cagacactgc ggacctgcca cagcagaggc agctgttgcc ccgccgatg 600
ctggcctccc cttgccaggc ctaccagcag agggctcacc accaccaaag acctacgtga 660
gctgcctgaa gaggcttctg tccagcccca ccaaggacag taagccaaat atctctgcac 720
accacatctc cctggcctcc tgcctggcac tgaccacccc cagtgaagag ttgccggacc 780
gggcaggcat cctggtggaa gatgccacct gtgtcacctg catgtcagac agcagccaaa 840
gtgtcccttt ggtggcttct ccaggacact gctcagattc tttcagcact tcagggcttg 900
aagactcttg cacagagacc agctcgagcc ccagggacaa ggccatcacc ccgccactgc 960
cagaaagtac tgtgcccttc agcaatgggg tgctgaaggg ggagttgtca gacttggggg 1020
ctgaggatgg atggaccatg gatgcggaag cagatcattc aggaggttct gacaggaaca 1080
gcatggattc cgtggatagc tgttgcagtc tcaagaagac tgagagcttc caaaatgccc 1140

```

```

aggcaggctc caaccctaag aaggctcgacc tcatcatctg ggagatcgag gtgccaaagc1200
acttagtcgg tcggctaatt ggcaagcagg ggcgctatgt gagttttctg aagcaaaccat1260
ctgggtgccaa gatctacatt tcaaccctgc cttacaccca gagcgtccag atctgccacal320
tagaaggctc tcaacatcat gtagacaaag cgctgaactt gattgggaag aagttcaaag1380
agctgaacct caccaatata tacgtccccc cattgccttc actggcactg ccttctctgc1440
cgatgacatc ctggctcatg ctgcctgatg gcatcacctg ggaggtcatt gtggtcaacc1500
aggtcaatgc cgggcacctg ttcgtgcagc agcacacaca ccctaccttc cacgcgtgc1560
gcagcctcga ccagcagatg tacctctgtt actctcagcc tggaatcccc acctgcccc1620
ccccagtga aataacggtc atctgtgccg cccctggtgc ggacggggcc tgggtggcag1680
cccaagtgg tgcctcctac gaggagacca acgaagtga gattcgatac gtggactacg1740
gcggatataa gaggggtgaaa gtagacgtgc tccggcaaat caggctctgac tttgtcacc1800
tgccgtttca gggagcagaa gtccctctgg acagtgtgat gcccctgtca gacgatgacc1860
agttttcacc ggaagcagat gccgccatga gcgagatgac ggggaatata gcaactgtt1920
ctcaggtgac aagttacagt ccaactggtc ttcctctgat tcagctgtgg agtgtggtt1980
gagatgaagt ggtgttgata aaccggctcc tgggtggagcg aggccttgcc cagtgggtag2040
acagctacta cacaagcctt tgacccccat gctgcttccct gagagtcttt ttttgactg2100
ttgaaattgg gcttggcact caagtcaaag atgaacatcg gaataacaaa cattgtcttc2160
tccagaaagt cctttctttc tccatactgt agtccattg agaagacatt tcgtctctga2220
gaaaaaagga tggaaactat ggttctcttc gcaaagccaa aggatagtgt ttaacaagcc2280
agctgyctta tccctggtct cagctgtttc aaccagattg tccattccc cctgttccat2340
tccctcttc ttccttctat ctcttcccc ggcaaaaacc aaacaaactg gcagacaggc2400
cagggatga tgttgcttgc ttgagagggt ttcttttact tcaaaatctt tcttcaggga2460
gcaagacatg aactgactaa ttggtatcca ctactgtac agcttacata aatgagttga2520
tgatatttaa ccagttttta taaacttcat ttaggtctct aaacacagac tttttaaatt2580
gcaactgtaa atatgaaatg gtcacacat ctgacctgg tcagtgggga ggggaactgg2640
tatectgcca agcctggttg taatttgtaa ccattttcta tttgtgcaaa ctctgtaa2700
atgtgtttta acaaatgtaa tattttgtac aagatacact ggagaacaaa ggggaactcaa2760
gattcttcca gccacatgtc acctgtaggt agaagtaaac tctgcagtgc agcttctgct2820
cttggccccc ctggccaggg cccctgtggc ttcttgaca ctggacagg gactgtatgg2880
tagagactgt gatctgggaa ctttttgctg tacaaatctg tttaaaaaaa agagttgatg2940
atatttaacc agtttttata aacttcattt aggtctctaa acacagactt tttaaaattg3000
caactgtaaa tatgaaatgg tcatcacatc tgacctgggt cagtggggag gggaaactgg3060
atcctgccaa gcctggttgt aatttgtaac cattttctat ttgtgcaaac tctgtaaata3120
tgtgtttaaa caaatgtaat attttgtaca agatacactg gagaacaaag ggaactcaag3180
attcttccag ccacatgtca cctgtaggta gaagtaaact ctgcagtga gcttctgctc3240
ttggccccc tggccagggc cctgtggct tectgcacac tggacagggt actgtatgg3300
agagactgtg atctgggaac tttttgctgt acaaaaagta actcattgaa ttaacttgca3360
gtggtgtgtt tgattctttt ttagactggc ttcagcattg tgcagtttaa a 3411

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1393 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

gaagaagaga aaaaagaggt gatgcttcag aatggagaga cccccaagga cctgaatgat 60
gagaaacaga agaaaaatat taaacaacgt ttcattgtta acattgcaga tgggtggtttt 120
actgagttgc actccctttg gcagaatgaa gagcgggcag ccacagttac caagaagact 180
tatgagatct ggcattcgacg gcattgactac tggctgctag ccggcattat aaaccatggc 240
tatgcccggg ggcaagacat ccagaatgac ccacgctatg ccatcctcaa tgagcctttc 300
aagggtgaaa tgaaccgtgg caattttctta gagatcaaga ataaattttct agctcgaagg 360
tttaagctct tagaacaagc tctgggtgatt gaggaacagc tgcgcggggc tgettacttg 420
aacatgtcag aagacccttc tcacccttcc atggccctca acaccgctt tgetgaggtg 480
gagtgtttgg cggaaagtca tcagcacctg tccaaggagt caatggcagg aaacaagcca 540
gccaatgcag tcctgcacaa agttctgaaa cagctggaag aactgctgag tgacatgaaa 600
gctgatgtga ctgcactccc agctaccatt gcccgaaatc cccagttgc tgtgaggtta 660
cagatgtcag agcgtaacat tctcagccgc ctggcaaacc gggcaccgca acctacccca 720
cagcaggtag cccagcagca gtgaagatgc agactgatac cacctccacc gctgagcagt 780
gaccttctct actttctctt gtcccagctt ctcccctggg ggctgagag acctcacct 840
tccttctgcc catcttccat gttgtaaagg aacagcccca gtgcactggg ggaggggagg 900
gagtgagggg cagtgggtgcc ctctctgcag aagagacatg cagcagtagc gctggcgcca 960
tctgcaggag ctggcgggct ggccttctgg accctggctt ctccccactg taacgcctgt1020
tacacacaaa ctgttgtggg ttctctgccag gcttgaagaa aatgatctga attttttctt1080
ccttttggtt ttattttggt ggttttatct gtgttttctt ttctcctttt tgggggggtat1140
tcagagttgg ctgggcccct gggcgagaca cagctacctc tgttggcatc tttttaatac1200
caggaaccca gcggctctag ccactgagcg gctaaatgaa ataaagtgga aaaaaaaaaa1260
aaggaaaaaa ccaaaagcat aaaaaaccac agcaaatttc ttgatgaaaa ttgaaaataa1320
aagtttctct gtatttttaa aagggaaaaa gaaggaaaaa aaggagaggg aaaaaggagg1380
gggggagagg agt 1393

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1236 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```
gtgggccacc cctaactact attgcttcct aaaggtatatt tcacctctt cgccctggtac 60
agccctcaca gctcttcaga gcaagcactg gactacaagg gcatggctca caaaagggtta 120
atggatgggg gttacctagc cctggctaatt tccccctcca tccccaactc tctctctctt 180
tttgaagaaa aatgctaagg gcagccctgc ctgcccctccc catccccgcg tgtaaatata 240
cactattttt gatagcacac atggggcccc catatctctt ggccttggtt ttgatgttga 300
aatcctggcc ttgggagaga tgccttcacg gcagacacag ctgtctgggt caggccaagc 360
ccctttgcaa tgcaagccct ttctggtgtt atgaagtccc tctatgtcgt cgttttcacc 420
agcaactggt gactgtccct tgcacacgga cctgctttga gatttcctga cagggaaaag 480
atctctgtcc atttttttcc tgtgcctaac agcataattg ccttttcccta tgtaaatatt 540
atgatggtgg atcaagacat aagtaaatga gcctttctgc ctcacatcag ccctgtgtat 600
aaagccatta ttctctgatg cactgtttgc ccagtaact cactttaaaa cctctctttc 660
cagtgttccc tctctccctc cagggccact gcttgaagaa gaatatgtat gtttctatct 720
tgtatgtctg tgtgcccctc ctgccccgaa agtgctgact atggggaaat cttttagctg 780
ctgttttttag actccaagga gtggaaatta tgtggaagaa gcaaacctga tacaatttgc 840
ccaaggtaaa cagtttgaaa agacaaatgg gcctgccaaa ctgtacagtt tcttccccaa 900
gagctgttag gtatcaaaaat gttgtccttt cccccctcog tgcttttctg gttgagatca 960
tgtcattgat gaactgccaa agtcagggga ggagggcaga gacttttgtt ttacatctgc 1020
atctctacat gtttttagaca gagacaattt aaggcctgca ctcttatttc actaaagaaa 1080
aactaatgtc agcacatgtt gctaattgaca gtggattttt ttttaaataa aaaagtttac 1140
agatcaaatg tgaaataaat atgaatggag tggctcctct gtctgttatc tgagttttca 1200
aaagctttta gactctggga acatctgatt ttatgg 1236
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

ggagatgcag aggtaaaagt gtgagcagtg agtttacttt tcaaggcatc ttagcttcta 60
ttatagccac atccctttga aacaagataa ctgagaattt aaaaataaaa aaatacataa 120
gaccataaca gccaacaggt ggcaggacca ggactatagc ccaggtcctc tgatacccag 180
agcattacgt gagccaggtg atgagggact ggaaccaggg agaccgagcg ctttctggaa 240
aagaggagtt tgcaggtaga gtttgaaagg ggtgagggat gtgaattgcc tgcagagaga 300
agcctgtttt gttggaaggt ttggtgtgtg gagatgcaga ggtaaaagtg tgagcagtga 360
gttacagcga gaggcagaga aagaagagac aggagggaaa gggccatgct gaagggacct 420
tgaagggtaa agaagtttga tattaaagga gttaagagta gcaagttcta gagaagagga 480
tggtgctgtg gccagggtga gagctgctct ggaaaatgtg acccagatcc tcacaaccac 540
ctaatacaggc tgaggtgtct taagcctttt gtcacaaaaa cctggcacaa tggctaattc 600
ccagagtgtg aaacttcta agtataaatg gttgtctgtt tttgtaactt aaaaaaaaaa 660
aaaaaagtgt ggcgggtgc ggtggctcac gcctgtaatc ccagcacttt gggaggccaa 720
ggtgggggga tcacaagggtc actagatgg 749

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1251 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

gtgacccccca taggcctgag gcttgtgcag gcagtgggag tggggtaagg cttcctgatg 60
ccccctgtcc ctgccagaa cctgatggcc ctcatagtc cttggctctt atcttggag 120
cacaggcgct gacagccgtc ccagcccttc tgtctgcggg cctgaaccaa acggtgccat 180
ggggaactgt ctgcacaggg cggagtctcc ccctcaactg agaactcaag tcagctggac 240
ttcgaagatg tatggaattc ttcctatggt gtgaatgatt ccttcccaga tggagactat 300
gatgccaaacc tggaagcagc tgccccctgc cactcctgta acctgctgga tgactctgca 360
ctgcccttct tcatectcac cagtgtcctg ggtatcctag ctagcagcac tgtcctcttc 420
atgcttttca gacctctctt ccgctggcag ctctgccctg gctggcctgt cctggcacag 480
ctggctgtgg gcagtgcctt cttcagcatt gtgggtgccg tcttggcccc agggctaggt 540
agcaactcga gctctgcctt gtgtagcctg ggctactgtg tctggtatgg ctcagccttt 600
gccaggctt tgctgctagg gtgccatgcc tccctgggac acagactggg tgcaggccag 660

```



```

gtcccaggcc tcaccctggg gctcactgtg ggaatttggg gagtggtgc cctactgaca 720
ctgcctgtca ccttgccag tgggtgcttct ggtggactct gcaccctgat atacagcacg 780
gagctgaagg ctttgaggc cacacacact gtagcctgtc ttgccatctt tgtcttgttg 840
ccattgggtt tgtttggagc caaggggctg aagaaggcat tgggtatggg gccaggcccc 900
tggatgaata tcctgtgggc ctggtttatt ttctggtggc ctcatggggt gggtctagga 960
ctggatttcc tggtagggtc caagctgttg ctggtgtcaa catgtctggc ccagcaggct 1020
ctggacctgc tgctgaacct ggcagaagcc ctggcaattt tgcactgtgt ggctacgccc 1080
ctgctcctcg cctattctg ccaccaggcc acccgcccc tcttgccctc tctgccccct 1140
cctgaaggat ggtcttctca tctggacacc cttggaagca aatcctagtt ctcttccac 1200
ctgtcaacct gaattaaagt ctacactgcc tttgtgaaaa aaaaaaaaaa a 1251

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

ctggcctcag caccttccag aactggttac ctagtaccac cgccacctcc tgggggtggac 60
tcaccagttc caggaccaca gacaatggtg gggagcagac tgccctgagc cccaagagg 120
ccccgttctc tggcatctcc acgcccccg atgtgtcag ttaggcccg gagcctgcct 180
gggaagccgc agccactacc aagggccttg cgactgacgt ggcgacgttc acccaagggg 240
ccgccccagg cagggaggac acggggcttt tgaccaccac acacggcccc gaagaagccc 300
cacgcttggc aatgctgcag aatgagttgg aggggctggg ggacatcttc cccccatga 360
atgcggagga gcaagctcag ctggctgcct ccagcccgg gccaaagggt ctgtcggcgg 420
aacaggggag ctacttcgtt cgtttagggt acctgggtcc cagcttccgc cagcgggcat 480
ttgaacacgc ggtgagccac ctgcagcacg gccagttcca agccagggac actctggccc 540
agctccagga ctgcttcagg ctgattgaaa aggcccagca ggctccagaa gggcagccac 600
gtctggacca gggctcaggt gccagtgcgg aggacgctgc tgtccaggag gagcgggatg 660
ccgggggttct gtccagggtc tgccggccttc tccggcagct gcacacggcc tacagtggcc 720
tgggtctccag cctccagggc ctgcccgccg agctccagca gccagtgggg cgggcgcggc 780
acagcctctg tgagctctat ggcacgtgtg cctcagctgg ctctgtagag gagctgccc 840
cagagcggct ggtgcagagc cgcgagggtg tgcaccaggc ttggcagggg ttagagcagc 900
tgctggaggg cctacagcac aatccccgc tcagctggct ggtaggggcc ttcgccttgc 960

```

```

ccgctggcgg gcagtagctg taggagcctg caggccccgc gcgggggtcgc cctgctctgt1020
ccagggagga gctgcctcag aactttctcc ccgcccccaa acctggatcg gttccctaaal080
gccctagacc tttggggctg cagctggctg agcgccgagg ggctgaggag gcagtgacct1140
tcttaactga gccaccccac gccctgctcc gggcctgcct gcatctccca cctcctcccc1200
agcgtgcct gccctctcgc gaggctgggg tcaactcagac caccagccaa gagccttccc1260
ttgaagtccc caagcaagca ctgcaattag gaaagagaaa aagcagcgtg cccagcctgg1320
aagggcatct gtttgccccg ctagcaaccc ttttatatct agcagggctc ttccagtcct1380
gcagcacggg cccccagcta tcagcgggtg aggcagtgt gtggcatccc aggctccggg1440
cagctccgtt ctcatgctga aagtgggtct ccggccttag cacacacacc ttgaggggtct1500
taagaaccac attccctcat agtagaaaagt actagaaaaa gcgacactgc catcatcatc1560
ccaaggcagg ctgctactgc ctttgtgtgac ccccggggtg gcctcacggg ggggacaaa1620
ctgccaggag ccacagcagc cacagctggg gctttgcacc agcctggctt gagactgagc1680
agtgtgcagg ggggtggggg tgcaaaaaac aagcaaacag gctgctgctg cctccagctg1740
cccaccacag gcctgcccc aagcacctgg gctctgaggc cctggggag gctggggccc1800
gcagctgccc ctggagaaca cagacaaagg acttccccgc agggaaactgt gccctatgg1860
gggatcagac agggctggga acagccacag aggtgctgt cctatggcac agcccttccc1920
ccgcccacac ctccccctgg gtccctcagg ccacccaagc gccgggctgc agaggaagcg1980
gggctgggga ggctgcaggc atcagagaca ctgggtgggt cggaccgggc cgcggggccc2040
cgtgctctca ggctagccca ggtcgtggag gctggcaggc tcaggctggg tgtgagacgt2100
gccgtggctg cgtcagctcc agcggggagg agcgttcag cccggcctcc ccaggaagcc2160
atatccccac tcacccggtg agagaacctt gtcgtccctt ttccatgctc tccatggaca2220
cgagcccagg aaccccagac ccagggggag gaaggggtga ggggccccag ggtcaccat2280
gtgcaccagg ggccgtgagg ggccggggca ttcagctcag ctctgaaccg gggagctgg2340
cacggcaagg actgcctcag gtgacgggccc gtgagagggg acgggtcagg agccttccca2400
agccttctcc tcagcccagc acccatggcc atcggaggct aggatgccag acacagccat2460
ttgcagaaat caggcacagt gactgcagct cacgtccagc caaccaagca tggggccgca2520
gctcaggaag tcccttccc cccacaccac gcttaattct tactgggagc gaggcaactc2580
ggctacgctg ggcaggacga caaacacgag acgccactgt ggaatgagca acttcggagc2640
acgggggtgac ttgcttgagg ccgtgcccac gtgacagccc cttatgcaga ggaggaaaga2700
gaagccccga gtgggagggg aacctgtcca aagtcacacg gtgtgtgggt gacacagctg2760
gggtgagtcg aggtggccc ctgaggccca tgctccctga acgtggaga ccactgtcgg2820
ctagcagcgc ctctcaggga aggcctgggtc tccaccctcc cagcctagcc tcgaggacc2880
tcgtctctcc cacatcggac ctgctcacct gctgggacc ggggctgcca gatgcaggaa2940
gcatcaaac cccagcctc gtgggtgcgg ggcagggcgc aggcagcaca gcttagatgc3000
cctggtttgt cctcttgtc tcctgggaag agcttgctcc cggccagctc tctgcccact3060
ggcctttcag ggttgggctg ggcccagagt gccttttagt cgcttctcac ggtggcctga3120
tggtcaaac cagtcccaaa cgggcccagt gacactgcgc actgcacccc agctcaggcc3180
cccactgcac cagcaatgct agaaaaccaa gccataaaaa gtgatttctt ttttcattaa3240
aaaaaagaaa aaaagagaca gaggaagtag atgctggccc ggc

```

3283

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```
agaaaatagt ttcaagcaga ccatagccaa gatcaacttc aaagtttttag attcagaaat 60
ggtggetggt gtgacggaca aatggtcccc gtggacctgg gccagctctg tgaggggcttt 120
acccttccac ccgaaggaca tcatgggggc attcagccac tcagaaatgc agatgattaa 180
ccaatactgc aaagacactc ggcagcaaca tcagcaggga gatgaatcac agaaaatgag 240
aggggactat ggcaagttaa aggccctcat caatagtcgg aaaagtagaa acaggaggaa 300
tcagttgccca gagtcataat attttcttat gtgggtctta tgcttccatt aacaaatgct 360
ctgtcttcaa tgatcaaatt ttgagcaaag aaacttggtc tttaccaagg ggaattactg 420
aaaaagggtga ttactcctga agtgagtttt acacgaactg aaatgagcat gcattttctt 480
gtatgatagt gactagcact agacatgtca tggctcctcat ggtgcatata aatatattta 540
acttaaccca gattttattt atatctttat tcaccttttc ttcaaaatcg atatggtggc 600
tgcaaaacta gaattgttgc atccctcaat tgaatgaggg ccatatccct gtggtattcc 660
tttcttgctt tggggcttta gaattctaatt tgtcagtgat tttgtatatg aaaacaagtt 720
ccaaatccac agctttttacg tagtaaaagt cataaatgca tatgacagaa tggctatcaa 780
aagaaataga aaaggaagac ggcattttaa gttgtataaa aacacgagtt attcataaag 840
agaaaatgat gagtttttat ggttccaatg aaatatgttg gggttttttt aagattgtaa 900
aaataatcag ttactggtat ctgtcactga cctttgtttc cttattcagg aagataaaaa 960
tcagtaacct accccatgaa gatatttggt gggagttata tcagtgaagc agtttggttt 1020
atattcttat gttatcacct tccaaacaaa agcacttact ttttttggaa gttatttaatt 1080
ttattttaga ctcaaagaat ataactctgc actactcagt tattactggt tgttctcttal 1140
ttccctagtc tgtgtggcaa attaaacaat ataagaagga aaaatttgaa gtatttagact 1200
tctaaataag gggtgaaatc atcagaaaga aaaatcaaag tagaaactac taattttttal 1260
agaggaattt ataacaaata tggctagttt tcaacttcag tactcaaatt caatgattct 1320
tcctttttatt aaaaccagtc tcagatatca tactgatttt taagtcaaca ctatatattt 1380
tatgatcttt tcagtgtgat ggcaagggtg tttgttatgtc tagaaagtaa gaaaacaatal 1440
tgaggagaca ttctgtcttt caaaaggtaa tgggtacatac gttcactggt ctctaagtgt 1500
aaaagtagta aattttgtga tgaataaaat aattatctcc taattgtatg ttagaataat 1560
tttatttagaa taatttcata ctgaaattat tttctccaaa taaaaattag atggaaaaat 1620
gtgaaaaaaa ttattcatgc tctcatatat attttaaaaa cactactttt gcttttttat 1680
ttacctttta agacattttc atgttccag gtaaaaacag atattgtacc atgtacctaa 1740
tccaaatatc atataaacat tttatttata gtttaataatc tatgatgaag gtaattaaag 1800
tagattatgg cctttttaag tattgcagtc taaaacttca aaaactaaaa tcattgtcaa 1860
aattaatatg attattaatc agaatatcag aatatgattc actatttaaa ctatgataaa 1920
ttatgataat atatgaggag gcctcgctat agcaaaaaata gttaaaatgc tgacataaca 1980
ccaaacttca ttttttaaaa aatctgttgt tccaaatgtg tataatttta aagtaatttc 2040
taaagcagtt tattataatg gtttgcttgc ttaaaaggta taattaaact tcttttctct 2100
tctacattga cacacagaaa tgtgtcaatg taaagccaaa accatcttct gtgtttatgg 2160
ccaatctatt ctcaaagtta aaagtaaaat tgtttcagag tcacagttcc ctttatttca 2220
cataagccca aactgataga cagtaacggt gtttagtttt atactatatt tgtgctattt 2280
aattctttct attttcacaa ttattaaatt gtgtacactt tcattacttt taaaaatgta 2340
gaaattcttc atgaacataa ctctgctgaa tgtaaaagag aatttttttt caaaaatgct 2400
gttaatgtat actactggtg gttgattggt tttattttat gtagcttgac aattcagtga 2460
cttaatatct attccatttg tattgtacat aaaattttct agaaatacac ttttttccaa 2520
agtgtaaagt tgtgaataga ttttagcatg atgaaactgt cataatgggt aatgttcaat 2580
ctgtgtaaga aaacaaacta aatgtagttg tcacactaaa atttaattgg atattgatga 2640
aatcattggc ctggcaaaat aaaacatggt gaattcccca aaaaaagaaa gggaggacgg 2700
```

gaggggagaa ggaaggaagg

2720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1036 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

gccggccgcc ctttttaacc cccttccctt cctttttttc tgttgctgaa tgatatttta 60
ttagcttgat aatttgggcc tgcccttagc attaataagc ttcagcacta gtcacaagac 120
tttcattcac tgggtggggaa actttcttgt tttaaaaaat gcaattcaag aaagggcatc 180
tatttcttgg gggctgcggg gacagcaggc ttctcttcac ggggtgatggg aatgggtgcgc 240
tcagggccag agacctgttt ccttggtcca ttcacagtga ggaccccatc agatgacagg 300
gatgaagtaa tgggtgagagg gtctacatca gctgggatcc ggtatttcct gtggaactcc 360
ctggagatga aaccatgttc atcctggcgc tcttcattgt ttccatgcac ctcaatcaca 420
tctcccaaca ccttaacttt gagttcctct ggggagaagt gcttcacatc cagggtgaca 480
gagaacctgt ccttctccag gcgcattctt gagagtccag tgtcaaacca gctgggtgcc 540
cgcaggaagg aggggtggccg aaggtagaag ggactcaggg aagtagacgt cgggaaaaga 600
tcagactcca acaggtgctc tccgaagaac tggtaaaga ggcggctggg ggagtggaaa 660
ggaaagaagg ggcggcggat ccaggggtgg tggatggcga tgtccatggt ggctaggtga 720
gtgtgagggg tcagctggcc tggtcagctc cttcagctgc agctacagcc agccccttat 780
atatgcagtc ttgtgaagct tctggaatgg tgatgtcagg ggttttatta tcctagctca 840
ccagcagttc atggagactt gtgatccggg atttggcaat gtgacacata cccagtactc 900
actgagctaa gaaaagagag acacaaacac gtctgagccg gccagtgact tgtcatggtc 960
ttgtttcact agctttctgt ccacacccaa tggcaccac cccacccct gttctctgaa 1020
gctggtacag agtcag                                     1036

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```
accacgggg ctgccctccc ctgcgcactc ccctcgtctgc ccgggcccgg agcgcagtgg 60
ggcgcacag attcacaatg ttgaaagccc ttttccctaac tatgctgact ctggcgctgg 120
tcaagtcaca ggacaccgaa gaaaccatca cgtacacgca atgcactgac ggatatgagt 180
gggatcctgt gagacagcaa tgcaaagata ttgatgaatg tgacattgtc ccagacgctt 240
gtaaaggttg aatgaagtgt gtcaaccact atggaggata cctctgcctt ccgaaaacag 300
ccagatttat tgtcaataat gaacagcctc agcaggaaac acaaccagca gaaggaaacct 360
caggggcaac caccgggggtt gtagctgcca gcagcatggc aaccagtggg gtgttgcccg 420
ggggtggttt tgtggccagt gctgctgcag tcgcaggccc tgaaatgcag actggccgaa 480
ataactttgt catccggcgg aaccagctg accctcagcg cattccctcc aacccttccc 540
accgtatcca gtgtgcagca ggctacgagc aaagtgaaca caacgtgtgc caagacatag 600
acgagtgcac tgcagggacg cacaactgta gagcagacca agtgtgcac aatttacggg 660
gatcctttgc atgtcagtgc cctcctggat atcagaagcg aggggagcag tgcgtagaca 720
tagatgaatg taccatccct ccatattgcc accaaagatg cgtgaataca ccaggctcat 780
tttattgcca gtgcagtcct gggtttcaat tggcagcaaa caactatacc tgcgtagata 840
taaatgaatg tgatgccagc aatcaatgtg ctcagcagtg ctacaacatt cttgggtcat 900
tcatctgtca gtgcaatcaa ggatatgagc taagcagtga caggctcaac tgtgaagaca 960
ttgatgaatg cagaacctca agctacctgt gtcaatatca atgtgtcaat gaacctggga1020
aattctcatg tatgtgcccc cagggatacc aagtgggtgag aagtagaaca tgtcaagata1080
taaatgagtg tgagaccaca aatgaatgcc gggaggatga aatgtgttg aattatcatg1140
gcggcttccg ttgttatcca cgaaatcctt gtcaagatcc ctacattcta acaccagaga1200
accgatgtgt ttgcccagtc tcaaattgcca tgtgccgaga actgccccag tcaatagtct1260
acaaatacat gagcatccga tctgataggt ctgtgccatc agacatcttc cagatacagg1320
ccacaactat ttatgccaac accatcaata cttttcggat taaatctgga aatgaaaatg1380
gagagttcta cctacgacaa acaagtcctg taagtgcaat gcttgtgctc gtgaagtcatt1440
tatcaggacc aagagaacat atcgtggacc tggagatgct gacagtcagc agtataggga1500
ccttcgcgac aagctctgtg ttaagattga caataatagt ggggccattt tcattttagt1560
cttttctaag agtcaaccac aggcatttaa gtcagccaaa gaatatgtgt acctaaagc1620
actattttat ttatagatat atctagtga tctacatctc tatactgtac actcaacctat1680
aattcaaaca attacacat ggtataaagt gggcatttaa tatgtaaaga ttcaaagatt1740
gtctttatta ctatatgtaa attagacatt aatccactaa actggtcttc ttcaagagag1800
ctaagtatac actatctggt gaaacttgga ttctttccta taaaagtggg accaagcaat1860
gatgatcttc tgtggtgctt aaggaaactt actagagctc cactaacagt ctcataaggag1920
ggcagccatc ataaccattg aatagcatgc aagggttaaga atgagttttt aactgctttg1980
taagaaaatg gaaaagggtc ataaagatat atttctttag aaaatgggga tctgccatat2040
ttgtgttggt ttttattttc atatccagcc taaagggtggt tgtttattat atagtaataa2100
```

```

atcattgctg tacaatatgc tggtttctgt agggatattt taattttgtc agaaatttta2160
gattgtgaat attttgtaaa aaacagtaag caaaattttc cagaattccc aaatgaacc2220
agatatcccc tagaaaatta tactattgag aaatctatgg ggaggatatg agaaaataaa2280
ttccttctaa accacattgg aactgacctg aagaagcaaa ctcggaaaat ataataacat2340
ccctgaattc aggacttcca caagatgcag aacaaaatgg ataaaaggta tttcactgga2400
gaagttttta tttctaagta aaattttaaat cctaacactt cactaattta taactaaaat2460
ttctcatctt cgtacttgat gctcacagag gaagaaaatg atgatggttt ttattcctgg2520
catccagagt gacagtgaac ttaagcaaat taccctccta cccaattcta tggaatatatt2580
tatacgtctc cttgtttaaa atgtcactgc tttactttga tgtatcatat ttttaataaa2640
aaataaatat tcttttaga                                     2659

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

tttttttttt ttttttttgt ggtaataaaa tgttgtcaat tttattaaaa gctgattcca 60
tttcttcaca cagttaagta cgtttctttc ttgttttgtt aaagcccatt tcataagagt 120
gagttggctc tgtgagacca tcaactgataa agacacatac agtttagcacc acacatttat 180
aaatgcagat agccacaatg acctttccaa tatgtacaag ctccatttac acatccacac 240
atgtatttac agctaataaaa taaaatgtaa agccagaaca tccttgatat atataacaaa 300
gttttttcgga gccagagttc ccagtgcctat gtgctgcttt agtgaatctt ttaagttaat 360
gcaccttgga tcacaaccca aatccagaaa tttaatgaat taataaaggg gatgccaaaca 420
acaaatcata catcatttta tttttagaga gaattcattc caagcctgat gatgttaatc 480
acaacattgg tctactattt tataggcacg atcatctctc tcagagaaag ggtcgaagtt 540
ctggcacatc aggaacaatt tctactccga catgttccaa tacatccctt gatcgactgt 600
tttcccttcc gaattatgct gaaggacaac acacatgcag agctttctag tatgtgttca 660
gatatccatc actttcacag tcgggttccc agctatagcc tctgagatat ttgacatctt 720
tatcatttca tattttatacg tagaagagca ttctgaaaaa taggagatct agtttataaa 780
tagttgttca ctactcttg attagtttgt aaaaacaaca aatagcaacc ctcatgggtac 840
tccattctggc tcattgcacg cgatgggtta caagcactgc ttaggaatcc accccaggaa 900
cctctccacc cttttactta gtaaaaacgg tccttgctta aaatctgtag aagctcacac 960
aatgcaaaaat ttgaactcaa acctatcttt tcatgtcaaa gccaggaaca aaagagacgc1020

```

```

actggaagta caactgaagc atgaccaagc taagcctaaa actgaagagt aactgtcaga1080
tattgaatga ttttaaattg atgaaaatca tttggagaat ctaataataa aattacgggt1140
tctttttttt tttctgcacc attcaaatta tgtgtcagct gaggattaca ggctcatttt1200
caacacctac ccagagaaca ttattataat ataatcttga gacaaaaaag aagggggaga1260
gagggattaa gcaataaacg ataaagccta ttaagaatta attgatctag attttatatc1320
tccttgaatt tgtaactttg tcatgatgca ggccaatggg agggactgtt taaaacctct1380
gtgtttatca gaccttttct tcgtccctct ccaagttaca tgttcctggg tgacgtctgg1440
accacattcc aatagcaaga gggaatcatt ctaaaacatc attcatactg ctgtgtagat1500
gagtctgatt cgtgccgcgg aaaagcattt tctgtattct tggagactta gagtaaagtt1560
tgagaaggcc tcagtcggaa agatccagaa ttccaattaa aataggaggt tctaaccaat1620
tataggctat ggcccaatac gccacatgaa ggagccttat tttactctgc gctcaaacaal680
ttatttcttt ctcaaaggac aaaacagcac ttttcatgat ccactgtctt ttaacgttgg1740
aggatgtgct atttggccac tataccccat aaattgaatt agccactttt tagtgcttga1800
gactgtctcc taaaataact aacaagggtt gggctgggat taatattcag gaaaatccac1860
ttttgaaaca ccccaaacac tgggtatgtt ttgtaaaagt tacttctctc acttcattct1920
tcacagaatt cacatgccgt tctttgttct gtagattcgc ccagtttcag cctgacttct1980
tattcagaga cttgtcatgg catttcacaa ataccgcagg tgcttttctt tcttgcaaat2040
gagacacttt ctccctagaa cagaagatca cctttttctg agtctctctt gcttttactc2100
tgatcttctg aatggcgaag ccgggactgc tccaccagtc tgaccagcta aagtatgaat2160
cactcttcca tttgagcttc aacatgagta gttctccaat atctacctct gtgtaaatta2220
ggaaggagta ggtcttattt gtggaaactt caggcagagt gaatgggatg tggtactct2280
cggccacggg gccatacaga gaaatctcaa aggcctgatt ggtatgggtt tcactctcag2340
tcccagaaaa atgaatcttt acttggtaat ggaagacttt gtagggcatc tgagaacgag2400
tcttcaggta cattttgctg cttcttttgg ctctgacttt attgatctca tagcccagat2460
tggtgcagcg gttcttttcta caactcaagc agagcccttt ctcaaaggct tccttggaac2520
tgcacctgta ggcttaactt ggattttctt cattcaacag agagtcgatg aagagatgaa2580
tggagcgctc gtgggagcac ttactagct ggtccacatc tccaagtctt ctctctgcaa2640
tcacgcggat agcttctcca atgttacatc ctggctgaaa agtacctcca ttcgggtaaa2700
tgtcaacatg cccaactggg ttctggattc caatgcttcg accaggggac cctctggtga2760
atgtgtgtaa gacgtctaca aaatctgcat catcaggaga aagacgactc ggggcttctg2820
catactcaaa gttaggtcca gctggatcga ggccagtaat tctgttgaac tttcttattg2880
gtcagacttc ctgcaatgcc agcagcatgg gctccaaggc tgtatcccaa gagatggag 2939

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

| | | | | | | |
|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| gcacgcgcat | gacgcgcccc | aatgccaccg | aagcctccaa | gcccccaaggc | acaacgggtgt | 60 |
| gtcctccctg | tgacaacgag | ttgaaatctg | aggccatcat | tgaacatctc | tgtgccagcg | 120 |
| agtttgcact | gaggatgaaa | ataaaaagaag | tgaaaaaaga | aaatggcgac | aagaagattg | 180 |
| tccccaaaga | gaagaagccc | ctgaagttag | ggcccatcaa | gaagaaggac | ctgaagaagc | 240 |
| ttgtgctgta | cctgaagaat | ggggctgact | gtccctgcca | ccagctggac | aacctcagcc | 300 |
| accacttctt | catcatgggc | cgcaagggtga | agagccagta | cttgctgacg | gccatccaca | 360 |
| agtggggacaa | gaaaaacaag | gagttcaaaa | acttcatgaa | gaaaatgaaa | aacctatgagt | 420 |
| gccccacctt | tcagtcctgt | tttaagttag | tctcccgggg | gcagggtggg | gagggagcct | 480 |
| cgggtggggg | gggagcgggg | gggacagtgc | cccggaacc | cgggtgggtca | cacacacgca | 540 |
| ctgcgcctgt | cagtagtgga | cattgtaatc | cagtcggctt | gttcttgacg | cattcccgct | 600 |
| cccttccctc | catagccacg | ctccaaaccc | cagggtagcc | atggccgggt | aaagcaaggg | 660 |
| ccatttagat | taggaagggt | tttaagatcc | gcaatgtgga | gcagcagcca | ctgcacagga | 720 |
| ggaggtgaca | aaccatttcc | aacagcaaca | cagccactaa | aacacaaaaa | gggggattgg | 780 |
| gcggaaagtg | agagccagca | gcaaaaacta | cattttgcaa | cttggttggtg | tggatctatt | 840 |
| ggctgatcta | tgcccttcaa | ctagaaaatt | ctaattgattg | gcaagtcacg | ttgttttcag | 900 |
| gtccagagta | gtttctttct | gtctgcttta | aatggaaaca | gactcatacc | acacttacaa | 960 |
| ttaaggtcaa | gcccagaaaag | tgataagtgc | agggaggaaa | agtgcaggtc | cattatgtaal | 1020 |
| tagtgacagc | aaagggacca | ggggagaggg | attgccttct | ctgcccacag | tctttccgtg | 1080 |
| tgattgtctt | tgaatctgaa | tcagccagtc | tcagatgccc | caaagtttctg | gttcctatga | 1140 |
| gcccggggca | tgatctgac | cccaagacat | gtggaggggc | agcctgtgcc | tgcccttgtg | 1200 |
| tcagaaaaag | gaaaccacag | tgagcctgag | agagacggcg | attttcgggc | tgagaaggca | 1260 |
| gtagttttca | aaacacatag | ttaaaaaaga | aacaaatgaa | aaaaatttta | gaacagtcca | 1320 |
| gcaaattgct | agtcagggtg | aattgtgaaa | ttgggtgaag | agcttaggat | tctaattctca | 1380 |
| tgttttttcc | ttttcacatt | tttaaaaaga | caatgacaaa | caccactta | tttttcaagg | 1440 |
| ttttaaaaaca | gtctacattg | agcatttgaa | aggtgtgcta | gaacaaggtc | tctgtatccg | 1500 |
| tccgaggctg | cttcccagag | gagcagctct | ccccaggcat | ttgccaaagg | aggcgatttt | 1560 |
| ccctggtagt | gtagctgtgt | ggctttccct | cctgaagagt | ccgtgggtgc | cttagaacct | 1620 |
| aacacccctt | agcaaaaact | acagagcttt | ccgttttttt | ctttcctgta | aagaaacatt | 1680 |
| tcctttgaac | ttgattgcct | atggatcaaa | gaaattcaga | acagcctgcc | tgtcccccg | 1740 |
| cactttttac | atataattgt | ttcatttctg | cagatggaaa | gttgacatgg | gtggggtgtc | 1800 |
| cccatccagc | gagagagttt | caaaagcaaa | acatctctgc | agtttttccc | aagtacctgt | 1860 |
| agatacttcc | caaagccctt | atgttttaac | agcgatgtat | ataagccagt | tcacttagac | 1920 |
| aacttttacc | ttcttggtca | atgtacagga | agtagttcta | aaaaaaatgc | atattaattt | 1980 |
| cttcccccaa | agccggatct | tttaattctc | gcaacacttt | gaggacattt | atgattgtcc | 2040 |
| ctctgggcca | atgcttatac | ccagtgagga | tgctgcagtg | aggctgtaaa | gtggccccct | 2100 |
| gcggccctag | cctgaccggg | aggaaaggat | ggtagattct | gttaactctt | gaagactcca | 2160 |
| gtatgaaaat | cagcatgccc | gcctagttag | ctaccggaga | gttatcctga | taaattaacc | 2220 |
| tctcacagtt | agtgatcctg | tccttttaac | accttttttg | tggggttctc | tctgaccttt | 2280 |
| catcgtaaa | tgctggggac | cttaagttag | ttgcctgtaa | ttttggatga | ttaaaaaatg | 2340 |
| tgtatatata | ttagctaatt | agaaatattc | tacttctctg | ttgtcaaact | gaaattcaga | 2400 |
| gcaagttcct | gagtgcgtgg | atctgggtct | tagttctggg | tgattcactc | aagagttcag | 2460 |
| tgctcatacg | tatctgctca | ttttgacaaa | gtgcctcatg | caaccggggc | ctctctctgc | 2520 |
| ggcagagtc | ttagtggagg | ggtttacctg | gaacatttag | agttaccaca | gaatacggaa | 2580 |
| gagcagggtg | ctgtgctgtg | cagctctcta | aatgggaatt | ctcaggtagg | aagcaacagc | 2640 |
| ttcagaaaaga | gtcaaaaata | aattggaaat | gtgaatcgca | gctgtgggtt | ttaccaccgt | 2700 |
| ctgtctcaga | gtcccaggac | cttgagtgtc | attagttact | ttattgaagg | tttttagacc | 2760 |
| atagcagctt | tgtctctgtc | acatcagcaa | tttcagaacc | aaaaggagg | ctctctgtag | 2820 |
| gcacagagct | gcactatcac | gagcctttgt | ttttctccac | aaagtatcta | acaaaaccaa | 2880 |
| tgtgcagact | tattggcctg | gtcattgggc | tccgagagag | gaggtttgcc | tgtgatttcc | 2940 |
| taattatcgc | tagggccaag | gtgggatttg | taaagcttta | caataatcat | tctggataga | 3000 |
| gtcctgggag | gtccttggca | gaactcagtt | aaatctttga | agaatatttg | tagttatctt | 3060 |
| agaagatagc | atgggagggt | aggattccaa | aaacatttta | tttttaaaat | atcctgtgta | 3120 |
| acacttggtc | cttggtacct | gtgggttagc | atcaagttct | ccccagggtg | gaattcaatc | 3180 |


```

agagctccag tttgcatttg gatgtgtaaa ttacagtaat cccatttccc aaacctaaaa3240
tctgtttttc tcatcagact ctgagtaact gggttgctgtg tcataacttc atagatgcag3300
gaggctcagg tgatctgttt gaggagagca ccctaggcag cctgcaggga ataacatact3360
ggccgttctg acctgttgcc agcagataca caggacatgg atgaaattcc cgtttcctct3420
agttttcttc tgtagtactc ctcttttaga tcctaagtct cttacaaaag ctttgaatac3480
tgtgaaaatg ttttacattc catttcattt gtgttgtttt ttttaactgca ttttaccaga3540
tgttttgatg ttatcgctta tgtaaatagt aattcccgtc cgtgttcatt ttattttcat3600
gctttttcag ccattgtatca atattcactt gactaaaatc actcaattaa tcaataaaaa3660
aaaaaaaaaa                                     3670

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1025 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

ctttaaccag ttatttacag tgtgctcatt cgttcagaaa ttagatacaa aatctcaaga 60
cctgttacta ctgattttat taaatcagag tctttaattc ttgcatgttt gtatctaatt 120
tctgaacgaa tgagcacact ttaaccagtt atttacagtt acctttttcc ttaaccgga 180
ttgtgaaagc tcatgtatt ttaatttaga ttctgtgttt ttaagggttc tgagcatgaa 240
gctggcagat agtcggcagg actcattttt tcatcatggc tggctgattt ctccatagat 300
tgataacagt attttgttat ctgcttctc tgtagtgttg catcagctgt ttaactttga 360
gctgagttag gggagagggg taaagagaaa gaaacttaag ttttctttca cagaactcca 420
ccattgtggg ctttgagaga gccctaaagc attgtaccta gtggtaccta gtgacttcca 480
accaaagcct ttgagtatgc actaaatagg tgagaagaaa ggagagaagg tttttagggt 540
agaaaccttt aaccgataga aggatatggt atgttgtaaa gctggaacca agtttgcatt 600
tttgagggct tgagatgaag ggaagactct taccagatag taagacagct gagttttcct 660
cagttttctc gtcttaacac tagtggaaca ttctagcatt ttgtttggag gatttcagag 720
ttaacctcat ggaattcagg atttttttagc aagtttgctt ttggttttat cttggctttt 780
agtaatcatg ttggctggtc tggtcacagg tgactgtgaa acagatgccc tggctcttgc 840
ttcatcactc taggatcatg aagtgcctat ctatttctctg gttatgaata ttaagggttg 900
aattacattt ttattgattg tttggatcag agctcagttc ctgtagaaaa cgaactgtaa 960
aagaccatgc aagaggcaaa ataaaacttg aagtgaatgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa1020
aaaaa                                           1025

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

ccaggaggct gtgaggggga gaatgttctt ttggccactg tgaagcctca ggaaggggct 60
cggattgctc aaggacccat gggagagagg aggccttgac tgggctgcct gcctgtgagg 120
tctctggact agaggtccaa cgcagtccag ctgacaagga tggaatacgc catgaagtcc 180
cttagccttc tctaccccaa gtccctctcc aggcattgtgt cagtgcgtac ctctgtggtg 240
accagcagc tgctgtcgga gccagcccc aaggccccc gggcccgcc ctgccgcgta 300
agcacggcgg atcgaagcgt gaggaagggc atcatggctt acagtcttga ggacctctc 360
ctcaaggctc gggacactct gatgctggca gacaagccct tcttcctggt gctggaggaa 420
gatggcacia ctgtagagac agaagagtac ttccaagccc tggcagggga tacagtgttc 480
atggctcctc agaaggggca gaaatggcag ccccatcag aacaggggac aaggcacc 538

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 360 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```
gccacggggtc cggccacggg tgcggccacg ggtccgacaa tagtatgcag ctaaaaaata 60
attgtatgtc tttatatact aatatgtaat aatcttcagg tgaaaaaggc aagccacaga 120
aatgtgtata gcgcacttcc catttggtgt tcaaaaagga gtagaatata aacacataat 180
tgcttatgta tgcctattca gaataaatgg gtaacactga ttacttttgg gaggggaacc 240
agtaggttga ggacaggaga ggggaagggtc ttaacactta cacccttttg tacattttga 300
atthtgaacc atgtgactgt attacctatt caaaataaac aataaatggg cccaaacagg 360
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: 2192 Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```
gaggcctgag cccacaccct ctctgtgcca gccctcgccc gcctgggcag ggcccggcgc 60
cgtccgtgga tgagccacag aacctcttcc accttccgag cggagagaag tttccattcc 120
tcttctcttt cctctctcgc tgccacctcc tcttcggcct cccgtgctct cccggcccag 180
gacccgcccc tggagaaggc cctgagcatg ttttccgatg actttggcag cttcatgagg 240
ccccactcgg agccccctggc cttcccagcc cgccccgggtg gggcaggcaa catcaagacc 300
ctaggagacg cctatgagtt tgcggtggac gtgagagact tctcacctga agacatcatt 360
```

```

gtcaccacct ccaacaacca catcgagggtg cgggctgaga agctggcggc tgacggcacc 420
gtcatgaaca ccttcgctca caagtgccag ctgccggagg acgtggaccc gacgtcgggtg 480
acctcggctc tgcgggagga cggcagcctc actatccggg cacggcgta cccgcataca 540
gaacacgtcc agcagacctt cgggacggag atcaaaatct gagtgccctc ccttccctt 600
tccctgtgcc ccccgcccca cgcccgccag caaagcctcg ctaaccccat tacaacagct 660
ccaggacatc tcagcccagg ttctagcccc cagcaccacc agacccagg tggaccatcc 720
tcccaaaacta gggccctcca ctctatccag ggcaggccag ggactccctg gcctgacaca 780
tgatgcccag atttcagatt tggcctccgt cacttaatcc agagtacagg ggctggggtc 840
aggggaaggaa gatctaaaga acccactgtg ggtcagggga atgggaccag caggacatat 900
gggcaagctc tgcaggacag acaggcagac aaaccctctg atctatgaag tctctgcagg 960
gcaaggggac cagggacctg gaaccctctt ggccaagggg agtgggagag acagagggaa1020
ggtcacaggc aaggggtgct atctaagtgg aactaattgc ccgagggtc agcaaggcca1080
agaggagaca gccgtgacgg taaacttccc ctctaccagc ctccaagccc cagccagcgl140
agcaggctgc ctgcccaccc cgtgccccca gccagctggc tgtgccaggg cagagccatgl1200
ccacatctgt atatagatgg ggtttttcca atacagctgg ttcgtgataa actgcatgaal260
actcctgcgc tctgcgcct gctggggcct ccaggcaagg ccagtgggg ttgggggtgg1320
ggctggctct tctccctccc acaggcctgt gttcttgggg ctgctcccat gcagacagga1380
tcacctaaac gagatggaag ccagggcctg gatggggctt tgggtcctcg aggttggacc1440
ccagcttctt gccaccttcc cctccgggca gtcagctctc catccatccc cctctttaat1500
ctatgaatct ataggctcgg tgtgtgtaac acacacaccc ctatcgttgt cttcaaaata1560
ctcagcatta ccattgggtg aggccaaaatt cagagcttcc tcaaatcaga tttaaatct1620
ccattttcat taacggggaa acatccccga gccactgagt gctgtgcttt gtcactgaag1680
gttagatctg aaccaggggt gtcaacagct gctctcaact cccacctct gggcactgag1740
gagtatttcc cctcattcta cctctctaag gctatgcacc cctccccacg tctccagct1800
gggggatggg gggagtcata ggaaaagccc ccatctccca tctgggatag ggaccttcca1860
tcagccttaa ccctgggaaa tgccctgctgc cccagtgac tcttggtttc gtctcccaca1920
tacagaagca ggggtggagg gaagggtggg tctcagttag caggggtccc cagggcaagt1980
cagcctctc cctccatgcc tctctggtca gtgtgcctta gggtgacctc tcaactcccac2040
cactctgggc ccttggggg aggactgggg agggggccgt gggagagccc tgacgtgga2100
acctgtatac acaataaagg acagtctcac agacaaaaag aggccgctg ccggagtctt2160
caaacttagg gcagggcctt acttgagaga aa 2192

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
gtgcggatgc cggccggcag cagcatcatg gctcacgggc ccggcgcgct gatgctcaag 60
tgcgtggtgg tcggcgacgg ggcgggtgggc aagacgtgcc tactcatgag ctatgccaac 120
gacgccttcc cggaggagta cgtgccacc gtcttcgacc actacgcagt cagcgtcacc 180
gtggggggca agcagtacct cctaggactc tatgacacgg ccggacagga agactatgac 240
cgtctgaggc ctttatctta cccaatgacc gatgtcttcc ttatatgctt ctcggtggta 300
aatccagcct catttcaaaa tgtgaaagag gagtgggtac cggaacttaa ggaatacgca 360
ccaaatgtac cttttttatt aataggaact cagattgac tccgagatga ccccaaaact 420
ttagcaagac tgaatgatat gaaagaaaaa cctatatgtg tggaacaagg acagaaacta 480
gcaaaagaga taggagcatg ctgctatgtg gaatgttcag ctttaaccca gaagggttg 540
aagactgttt ttgatgaggc tatcatagcc attttaactc caaagaaaca cactgtaaaa 600
aaaagaatag gatcaagatg tataaactgt tgtttaatta cgtgagaaac atcttcagt 660
gccaaggaaa ctgtccattt ctctcagaaa gcaaatgaaa tgctacagct ataccagac 720
cttttatagg taatgaagca gttcaaaact tgaaagaaaa caaacctgt cctcagaatt 780
ctataaagtg tattaagaat gttccttaaa ggtttaagaa gcagtaagca gcctctgaag 840
ccacaatcta ttataaatac tttatttcaa ctagaaggta caatctctca ggggtttcat 900
agtttaaaaa gctacaatca catcatgttg taactacgta aaaaacagag ctgtaaattg 960
aactgcttgg ctttgaccat acacatttct gccagccct tacagaatct gcacaaagaa 1020
atatctccct ttgctccagt taattgttct tgtatgtaag ttgctttcta ttccagtata 1080
tccagagtgg tgaaataaca aggccagcca cgtagccaaa ggtcgctcca agcgtacagg 1140
agatgggcca tacctgagga gagaatgtat gagatcaaaa agaacaat gttttattat 1200
tacttgagca caagtgtaac ctaaatattt ctatattaaa gcttaatgtg ctttcttaaa 1260
gaatgccaaa agtgtaataa ggtcataact gcatttatca tgaacactaa aaatgtacac 1320
attttagtta atgtgcatta aactgttaac aggttctcg caattgtaga tttagtgtga 1380
cgctcccaa agtgcatgag acacatgcta aaattacaaa ttaaaattt gggtcagact 1440
ttgccaat atgactca atttagctct ctgaactagt tggtaatatt tttttttaa 1500
ttccacttt ggctgtgtac atcaaatgaa atgagaagtg tgtatgctga ccaaaccaca 1560
agaaactttc tttaagtgtt gttaaagagg aaagacctag aatccaagcg tgttacatga 1620
aaattgtaac agagcagctg cttccacct tcagatatag atgttggaac cacagcagaa 1680
gttatagagc gacaacttat atacacacct agaatgtaag ttaacaaaa taccggcttc 1740
cagagacccc ttttctccag ccatattaca tcaggctaga agtaattaat gttgatttat 1800
ttcatctaca agcagttggt ccctaagtga aaggctctgc ttgaaaaaa aaagaaaaaa 1860
aagttggagg aaaattttca tgttcttctg tgaagcttat ttggtacact ggagccattt 1920
ctaactttt tctgggggga acaggccaca gaactgtgtt agaggtgaac catcttaatt 1980
actagttcta ttacctaat cagcttctt gtttggctg ctgtggatct gccttattgc 2040
atatgccatg catcagataa tggatgcac agataatggt gttagacaaa gcttcattgt 2100
gaacaacct atgcatttta gagaaacaat ctcatcacat ttttctagc ctttcttaca 2160
tttaaacttg ctgttgccca aattataatt ttttaaattg ctttgggtgg cttctgttaa 2220
ttcacatgac ttgagcttat agctatgtct actgcacaga ttgggtaatt gaacactaaa 2280
cttttatact tgaaaatgac agccttaaat gctcatatca gtcacaaatc taggatgtac 2340
tgtcttgttg tatgtgagct ttgtagagat ttttaaaaat ataagcatca ccttccattt 2400
gaagagtggg gagagtctac tggatgactg gccaggaact ttctctctga atcggacatt 2460
tggtatgtct ctttcttcca agaaatggtg gttcacatta aagtatcatg gccttatgta 2520
tgctcaaag gaattctatg taactttctt atttaatttt ggtctgctta tttttagata 2580
aaattgaaag gaattgtata aatcaattaa catattagct gagttgtcca acacattgga 2640
taaacgaatt acaacagtaa actattacac atttccaact tgcctttggg gatttatgag 2700
gattttttt ggtgggggga gggggctcca attcatact ctgaaacct tcacacttgg 2760
tttactaatt caaagttaga agtctagaat ttgcctgcc ctaacagaaa cagattagga 2820
atttgtctac caaacctggt gtcacctgtt tcttgactgg gatttggttt cctcattata 2880
aatatgggag gtagaacaga gatctccaac gtctctccca tttatcacag taattttctt 2940
attcacagta at 2952
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

gcaaggatgg tctcaatctc gacctcgtga tccgcccacc ttggcctccc aaagtgttgg 60
gattacaggc gtgactcacc atgcccagcc acttagtttt ttcttattcc cacctttcta 120
tcccatagaa cactcttttt tatcttcctt gaaccatatt gatgagataa atagggctgg 180
gggctggggc ccgctgggtca ctcaacagag tatttccttt ggccgagatg gaagttttgt 240
cccaatagat gagctgctga gtatcaacaa ggtgacattt ttctgctgcc catttggtgc 300
ctggagacgg tggtaacctg aaggcagagg ccagctgccg caagacagca atgacagtc 360
acctgccgac ctgattcctg catcatggaa taaccacatg gctaccttct atcctctgtt 420
cccaaattgg tggggcactt atcctgaagt cgtcaatgat ttccctttga aactacttta 480
ttttactaat ttaaactatt ttgtactgat gtagccctga ggtagttcat gaaaatgctg 540
tgcactcatt ccatggaata aatgttggaa agctgatctt ttctgatata aaatgttgaa 600
tgataaaaaa aaaaa 615

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```

ttttactgac cttgctagaa gtttacagca aggaagtgca ggaacatttc acaaatctac 60
aatctgtgag tatcacatcc tgtatagctg taaacactgg aataaggaag ggctgatgac 120
tttcagaaga tgaaggtaag tagaaaccgt tgatgggact gagaaaccag agttaaaacc 180
tctttggagc ttctgaggac tcagctggaa ccaacgggca cagttggcaa caccatcatg 240
acatcacaac ctgttcccaa tgagaccatc atagtgtctc catcaaagt catcaacttc 300
tcccaagcag agaaacccga acccaccaac caggggcagg atagcctgaa gaaacatcta 360
cacgcagaaa tcaaagttat tgggactatc cagatcttgt gtggcatgat ggtattgagc 420
ttggggatca ttttggcatc tgcttctctc tctccaaatt ttaccaagt gacttctaca 480
ctgttgaaact ctgcttacct attcatagga cccttttttt ttatcatctc tggctctcta 540
tcaatcgcca cagagaaaag gttaaccaag cttttggtgc atagcagcct ggttggaagc 600
attctgagtg ctctgtctgc cctggtgggt ttcattatcc tgtctgtcaa acaggccacc 660
ttaaatcctg cctcactgca gtgtgagttg gacaaaaata atataccaac aagaagttat 720
gtttcttact tttatcatga ttcactttat accacggact gctatacagc caaagccagt 780
ctggctggaa ctctctctct gatgctgatt tgcactctgc tgggaattctg cctagctgtg 840
ctcactgctg tgctgcggtg gaaacaggct tactctgact tccctggggt gagtgtgctg 900
gccggttca cttaaccttg ctagtgttat cttatccctg cactgtgttg agtatgtcac 960
caagagtggg agaaggaaca accagccaat cagcagatac acatgggagg gcatttgcatt 1020
tgtgatggaa gacagagaag aaaagcagat ggcaattgag tagctgataa gctgaaaatt 1080
cactggatat gaaaatagtt aatcatgaga aatcaactga ttcaatcttc ctattttgtc 1140
agcgaaggga atgagactct gggaagttaa atgactggcc tggcattatg ctatgagttt 1200
gtgcctttgc tgaggacact agaacctggc ttgcctcctt tataagcaga aacaatttct 1260
gccacaacca ctagtctctt taatagtatt gacttggtta agggcattta cacacgtaac 1320
tggatccagt gaatgtctta tgctctgcat ttgcccctgg tgatcttaaa attcgtttgc 1380
ctttttaaag ctatattaaa aatgtattgt tgaatcaaaa aaaaaagggt agtgagaggt 1440
gggggtgggg gggggaggag ggggggccgt ttaggggggg ccgggttt 1488

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ctcgagccga ttcggctcga gctaattttt aagtctcgat tggaaatcag tgagtagggt 60
cataatgtgc atgacagaaa taagctttat agtggtttac cttcatttag ctttggaagt 120
tttctttgcc ttagttttgg aagtaaatc tagtttgtag ttctcatttg taatgaacac 180
attaacgact agattaaaat attgccttca agattgttct tacttacaag acttgctcct 240
acttctatgc tgaaaattga cctgggatag aatactataa ggttttgagt tagctggaaa 300
agtgatcaga ttaataaatg tatattggta gttgaattta gcaaagaaat agagataatc 360
atgattatac ctttattttt acaggaagag atgatgtaac tagagtatgt gtctacagga 420
gtaataatgg tttccaaaga gtatttttta aaggaacaaa acgagcatga attaacctct 480
caatataagc tatgaagtaa tagttgggtg tgaattaaag tggcaccagc tagcacctct 540
gtgttttaag ggtctttcaa tgtttctaga ataagccctt attttcaagg gttcataaca 600
ggcataaaat ctcttctcct ggcaaaagct gctatgaaaa gcctcagctt gggaagatag 660
atttttttcc cccaattac aaaatctaag tattttggcc cttcaatttg gaggagggca 720
aaagttggaa gtaagaagtt ttattttaag tactttcagt gctcaaaaaa atgcaatcac 780
tgtgttgat ataatagttc ataggttgat cactcataat aattgactct aaggctttta 840
ttaagaaaac agcagaaaga ttaaatcttg aattaagtct ggggggaaat ggccactgca 900
gatggagttt tagagtagta atgaaattct acctagaatg caaaattggg tatatgaatt 960
acatagcatg ttgttgggat tttttttaat gtgcagaaga tcaaagctac ttggaaggag 1020
tgcctataat ttgccagtag ccacagatta agattatata ttatatatca gcagattagc 1080
tttagcttag ggggagggtg ggaaagtttg gggggggggg tgtgaagatt tagggggacc 1140
ttgatagaga actttataaa cttctttctc ttaataaaag acttgtctta caccgtgtg 1200
ccattaaagg cagctgttct agagtttcag tcacctaaat acaccacaaa aacaatatga 1260
atatggagat ctctctttac cctcaactt taatttgccc agttatacct cagtgttgta 1320
gcagtactgt gatacctggc acagtgcctt gatcttacga tgccctctgt actgacctga 1380
aggagacctt agagtccttt ccttttttga gtttgaatca tagccttgat gtggtctctt 1440
gttttatgtc cttgttctta atgtaaaagt gcttaactgc ttcttggttg tattgggtag 1500
cattgggata agattttaac tgggtattct tgaattgctt ttacaataaa ccaattttat 1560
aatctttaaa tttatcaact ttttacattt gtgttatttt cagtcagggc ttcttagatc 1620
tacttatggt tgatggagca cattgatttg gagtttcaga tcttccaaag cactatttgt 1680
tgtaataact tttctaaatg tagtgccttt aaaggaaaaa tgaacacagg gaagtgactt 1740
tgctacaaat aatgttgctg tgttaagtat tcatattaaa tacatgcctt ctatatgga 1800
catggcagaa agactgaaaa ataacagtaa ttaattgtgt aattcagaat tcataccaat 1860
cagtgttgaa actcaaacat tgcaaaagtg ggtggcaata ttcagtgcct aacacttttc 1920
tagcgttggt acatctgaga aatgagtgtc caggtggatt ttatcctcgc aagcatgttg 1980
ttataagaat tgtgggtgtg cctatcataa caattgtttt ctgtatcttg aaaaagtatt 2040
ctccacattt taaatgtttt atattagaga attctttaat gcacacttgt caaatatata 2100
tatatagtac caatgttacc tttttatttt ttgttttaga tgtaagagca tgctcatatg 2160
ttaggtactt acataaattg ttacattatt ttttcttatg taataccttt ttgtttgttt 2220
atgtggttca aatatattct ttccttaaac tcttaaaaaa aa 2262

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

accagcaagc aaccggccga agtctggaag ggcgcgggag ccccgccaac cggccccgacg 60
gagcgcagga ggttccccgc cgccgcgcgc ttggccccga gttcctgcag ccgcagccgg 120
cacggaggga gccagccccg accttgcccc gctgcggccc gcggctcccc gccaaacccc 180
cctcaggaaa gaggttttaa aatcaaagat gggaaaatcg gagaaaattg cccttccccca 240
tgccagcgtt gttcatggta tacacttgta tgagcaacca aagataaaca gacagaaaag 300
caaataaac ttgccactaa ccaagatcac ctctgcaaaa agaaatgaaa acaacttttg 360
gcaggattct gtttcatctg acagaattca gaagcaggaa aaaaagcctt ttaaaaatac 420
cgagaacatt aaaaattcgc atttgaagaa atcagcattt ctaactgaag tgagccaaaa 480
ggaaaattat gctggggcaa agtttagtga tccaccttct cctagtgttc ttccaaagcc 540
tcctagtcac tggatgggaa gcactgttga aaattccaac caaaacaggg agctgatggc 600
agtacactta aaaacgctcc tcaaagttca aacttagatt tcagatttca gtatgtgtgt 660
aaaacataat ttttcccata tccctggact cttgagaaaa ttggtacaga aatggaaatt 720
tgccttggtg caacatacaa ttgcaaaaga tgagtttaaa aaattacata caaacagctt 780
gtattatatt ttatatattg taaatactgt ataccatgta ttatgtgtat attgttcata 840
cttgagaggt atattatagt tttgttatga aagtatgtat tttgccctgc ccacattgca 900
ggtgttttgt atatatataa tggataaatt ttaagtgtgt gctaaggcac atggaagacc 960
gattttatgt gcacaaggta ctgagatttt tttcaagaaa cagctgtcaa atctcaaggt 1020
gaagatctaa atgtgaacag tttactaatg cactactgaa gtttaaatct gtggcacaat 1080
caatgtaagc atggggtttg tttctctaaa ttgatttgta atctgaaatt actgaacaac 1140
tcctattccc atttttgcta aactcaattt ctgggttttg tatatatcca ttccagctta 1200
atgcctctaa ttttaatgcc aacaaaattg gttgtaatca aatttttaaa taataataat 1260
ttggccccc ctttttaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa a 1301

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1265 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

WO 99/47655

PCT/DE99/00909

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

ccacgtagcc tcgtgccgct gcggtgcagct tctgtctccc tgtttttcta atcaaggggt 60
taggactttg ctatctctga gatgtctgct acttgctgca aattctgcag ctgtctgctg 120
ctctaaagag tacagtgcac tagaggggaag tgttcccttt aaaaataaga acaactgtcc 180
tggctggaga atctcacaag cggaccagag atctttttta atccctgcta ctgtcccttc 240
tcacaggcat tcacagaacc cttctgattc gtaaggggta cgaaactcat gttcttctcc 300
agtccctctg ggtttctggt ggagcataag gtttccagta agcgggaggg cagatccaac 360
tcagaaccat gcagataagg agcctctggc aaatgggtgc tcatcagaac gcgtggattc 420
tctttcatgg cagaatgctc ttggactcgg ttctccaggc ctgattcccc gactccatcc 480
tttttcaggg gttattttaa aatctgcctt agattctata gtgaagacaa gcatttcaag 540
aaagagttac ctggatcagc catgctcagc tgtgacgcct gaataactgt ctactttatc 600
ttcactgaac cactcactct gtgtaaaggc caacagatct ttaatgtggt ttcatatca 660
aaagatcatg ttgggattaa cttgcctttt tccccaaaaa ataaactctc aggcaagcat 720
ttcttttaag ctattaaggg agtatatact tgagtactta ttgaaatgga cagtaataag 780
caaatgttct tataatgcta cctgatttct atgaaatgtg ttgacaagc caaaattcta 840
ggatgtagaa atctggaaag ttcatcttct gggattcact tctccaggga ttttttaag 900
ttaatttggg aaattaacag cagttcactt tattgtgagt ctttgccaca ttgactgaa 960
ttgagctgtc atttgtacat ttaaagcagc tgttttgggg tctgtgagag tacatgtatt 1020
atatacaagc acaacagggc ttgcactaaa gaattgtcat tgtaataaca ctacttggtat 1080
gcctaacttc atatatgtat tcttaattgc acaaaaagtc aataatttgt caccttgggg 1140
ttttgaatgt ttgctttaag tgttggctat ttctatgttt tataaaccaa aacaaaattt 1200
ccaaaaacaa tgaaggaaac caaaataaat atttctgcat ttcaaataaa aaaaaaaaaa 1260
aaaaa

```

1265

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

WO 99/47655

PCT/DE99/00909

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

attgcgagtt tttttgtttg ttgtttcaat gtgacttgtc gtttatttca atgaaaattt 60
aaatgattct tacaaatcct ctgaaaagta aaactgatac ttttataaac agaagtatat 120
gcaaacagtc acaatatgca ttaggacgac tgacgatatt tcttacatgc cagggagttc 180
ttccatccca gcaaacacct cttatctgaa agtggttttt ctccataaaa ttggcatcta 240
agggattttt aaaaagtcaa aaacagtggc aggg 274

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

taaatttcca aatgttctact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgag 60
gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatggtgcc 120
gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
tgcccacatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaatttttaa aatgagctct cctttcaacc 300
cttgtaacaa agtgccctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatttt taaccaaaat gtaaagttct 420
tattaaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacctgg tttcctgatg 480
ttgtaaataa catcaatgca tctgctgtgg gtcccttgct gagatgtctt cgaaggaatt 540

```

```

ttgttttagc catatccatc aactttgtat ttactttgca atttggaaga aggaaagtca 600
catgatgaaa ctctttttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaca ggatgcaact 660
gcagtggcac aaagggtcact caatcccttg ttccagttt cacattctac tactttctgtg 720
ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtggggat atagtgtata 780
agacttattt gcagtactgt gttcttcage tagaggcagc tttttaaata atgcaagtgt 840
atttatttagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcattttctg aggaccatta 900
ttaattctga gaacagaaat tgggtgcctg caaggaagtt tactagctct atcaacaagc 960
attcaagggtt acatctgcta gcagagtagt gtttaggaacc tggccttact ctctctgac1020
aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttgga tcgtgtatcg1080
aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagttgctg1140
aaaagtatta acatggtatt aagcttaaat aatacgtaat gggactagat ggcccactaa1200
gccactgta ttttcttcc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact1260
ggactgaagc taaatttgta ctttccataa tatacattct gcttctggct tatcttcttg1320
gtacatcaat atattaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgctg aagttcctat1380
tttatgttgt gcttatgtga accccttgggt gaaggtccct tttccttga tgtgtagtta1440
tatgatcttt ttaaattgtac agatattttg ctataaaaatc ggtgcagttt tttatggttt1500
ttacacttct ctttaattcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaaata ttgttttaaa1560
atgcatcagc ctatgctata caatctgaat gttatttttaa cttatagttt tttttaatat1620
atatatttaa ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cacttttagtg1680
tacctattta cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtactt1740
tactttaaaa agaacatgcc acgattttgt ctttctgtgg actcaacatt cacttcgatt1800
aaaaatagca atttgaccaa gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttca1860
atgctgacat atatgtatat taaaataatt gcctatttat taatctacaa atagacaacg1920
ttggcatgtt ctttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt1980
tttataaaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcataatgag caaataataa2040
actattttaca ctactagaaa gaaaagagaa gaa

```

2073

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

ctattacaca tgagggttttt aatgtatttta gacctgacaa taggggtgtc acttagatgt 60
gatctcagtg ttgtgggtaa ctttgtgtgt ctttaattcg aaatctggaa catagatgat 120
gattttttcc tttgaattaa cttaatgtgt tctcttcctt acagatttca gaacttatat 180
ttccacctct tccaatgtgg caccctttgc ccagaaaaaa gccaggaatg tatcgaggga 240
atggccatca gaatcactat cctcctcctg ttccatttgg ttatccaaat cagggaagaa 300
aaaataaacc atatcgccca attccagtga catgggtacc tctcctgga atgcattgtg 360
accggaatca ctggattaat cctcacatgt tagcacctca ctaacttcgt ttttgattgt 420
gttgggtgtc tgttgagaaa aaggtagaat aaaccttact acacattaaa agttaaaagt 480
tcttactaat agtagtgaag ttagatgggc caaacatca aacttatttt tatagaagtt 540
attgagaata atctttctta aaaaatatat gcactttaga tattgatata gtttgagaaa 600
ttttattaaa gttagtcaag tgcctaagtt tttaatattg gacttgagta tttatatatt 660
gtgcatcaac tctgttggat acgagaacac tgtagaagtg gacgatttgt tctagcacct 720
ttgagaattt actttatgga gcgtatgtaa gttatttata tacaaggaaa tctattttat 780
gtcgttgttt aagagaattg tgtgaaatca tgtagttgca aataaaaaat agtttgaggc 840
atgaaaaaaa                                     850

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2091 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

aagagacaga ctattaactc cacagttaat taaggacgta tgttccatgt ttatttggtta 60
aagcagtgtg aatagccttc aagcatgtga ataatcttcc atcttccccg ccgctttttg 120
tttctttcag gtagacacct tttaaaatgc agaactaact gaggcatttc agtaactttg 180
ctttcaaatc aataaagtca aatgtatgga aacattttgt gccctactct ccataccccg 240
tgtactcaaa ttctctactg tatgaattat gctttaagta gaattcagtg ccaaggagaa 300
cttgggtgaaa taaattattt taattttttt tttatccttt acaaagccat ggattttatt 360
tggttgatgt gtgctctgta cacaagccat ttcaatagga tggagctgtt aattattttc 420
caaagagtaa tagacatgca aaagtttcaa taaaacttgg gccattaaca aataaattaa 480
taaactaata agcattccct tctaggtttt tgccaaactg cctatccaat aacaaatttg 540
agaatcgttg aaaaagctag ttatattttc gagaaatgat ttccattatt gaaactgttc 600
tccctagcag gccattttcc ctttttccctg ggagtttagc aagtttagga gagaatagtc 660
atgaaaagaa agggaagaaa ggggagaagg gaagaggtta aaaaataagt gctcagacct 720

```

```

atgaacgtaa tccctttgct agaaatatatt aagagcagct cagcttgggtt gaaactgagt 780
tttgcacatc tccatatattg caggaaggta tttctcgact tgcaatgcag ctgatgttaa 840
aattttatatt tatcatccta gaaagccttg actagaaaaa tgaataaata ttgagggttt 900
cctgtccata tctggcttgc atgtgccaga aagcagagaa tagaaaaatgt aatctccaac 960
atccaagcat cgaaacccaa ggggtaggca attctatgta ggttttggac atgaagtttg 1020
gtgcatcttg gtttatgctg gctcaactgc tattaacact ctctggctta tagtctcttc 1080
attctattag acaagcacgt atcgaacact tgcttcgcac aaggctcttt agttaacaat 1140
ttagcagcta ctgtttgtgt taaacacact tttcaccaaa taggttctga ggcaaacgag 1200
agcaatgact atttaaagaa aggcctttccc agcatcactt acacatccca aaactaaaaa 1260
gatcaactct tccaactgag aaaagactcc tggctttgaa tggaaactta cagcagagag 1320
tcacaggcca cggcaacaac aacgacaaca acaaacattt ggaatattat tctcaactca 1380
cgttttaata atacatctta ttatttttct agtagagaaa ctacaaatca gcctcttcaa 1440
catttatata cagttaata agcctcttgc aagttacttg ttctctcacc tgaggtatatt 1500
tttccctccc cactttgccc ctgttccctc ctccctcttc tccctttgca agaggaaata 1560
tttaacatat ttgggtccaa cttcaataat gtaataatta atacattaaa agcatttaac 1620
ttcctttcta gaaaaatgca caggctaagg catagacaaa acaaagagaa atgctgagaa 1680
atttgccact ggagacaagc aatctgaata aatatttgcc aaaagttctt tttatgtcat 1740
atagtgtcag gatttgaagg agctattttt ttttaatgtt gcaactagca actcatcttc 1800
ggaagacaca gccaggagaa tgaagtagaa gtgaaagggt tataaatcca tttgtaagca 1860
tttatcccat atattttaaa ttcaagaaaa attgtgttta tctttagaat tttgtattca 1920
atactttatg tactatgtga ctcatgcttc tggataaata aagcaccaaa tatgtatctg 1980
taaccacaat cacacatatt atattaaata tatactata taacagccaa aaaaaaaaaa 2040
agaagagaag aaaaagaaag gagagggggg gggagagaag gggggggagg t 2091

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

ctcgtcccaa accaggacac cctctctaca gtaaatacat gcgtggggat gtacttgtga 60
tgctgaagca gacggaaaat aattacttgg agtgccaaaa gggagaagac actggcagag 120
ttcacctgtc tcaaatgaag attatcactc cacttgatga acatcttaga agcagaccaa 180

```

```

acgatccaag ccacgctcag aagcctgttg acagtgggtgc tctcatgct gtcgttcttc 240
atgatttccc agcagagcaa gttgatgatt tgaacctcac ttctggagaa attggtttat 300
cttctggaga agatagatac agattggtac agagggaact gtagaaacca gattggcata 360
tttcctgcca actatgtcaa agtgattatt gatatcccag aaggaggaaa tgggaaaaga 420
gaatgtgttt catctcattg tgttaaaggc tcaagatgtg ttgctcgggt tgaatatatt 480
ggagagcaga aggatgagtt gagtttctca gagggagaaa ttattattct taaagagtat 540
gtgaatgagg aatgggccag aggagaagtt cgaggcagaa ctgggatttt cccctgaac 600
tttgtggagc ctgttgagga ttatcccacc tctggtgcaa atgttttaag cacaaaggta 660
ccactgaaaa ccaaaaaaga agattctggc tcaaaacttc aggttaacag tctccggca 720
gaatggtgtg aagctcttca cagttttaca gcagagacca gtgatgactt atcattcaag 780
aggggagacc ggatccagat tctggaacgt ctggattctg actggtgcag gggcagactg 840
caggacaggg aggggatctt cccagcagtg tttgtgaggc cctgcccagc tgaggcaaaa 900
agtatgttgg ccatagtacc gaaggggcag gaaggccaaa gccttatatg atttccgagg 960
ggagaatgaa gatgaacttt cttcaaggc tggagatata ataacagagc tggaatctgt 1020
agatgatgac tggatgagtg gagaacttat gggaaaatct ggaatatatt ccaaaaacta 1080
catacagttt ctacagatca gctagaggag aagcttgtct gtgttccttg gcacaagaac 1140
tcacttgaac tatcaccttg actatcagat atgtttttgc actatttttt ttaactgaaal 1200
aagaaatate taagctgtac atggtacact agaattttct gaaagcagaa aacgttcaga 1260
ttttgtagtt aattttcatt acaatagaaa catgcacatg gaaacccatg agctaggatt 1320
ctaccgagga aaacatctag tgggattagc aaggtgaagg gaaagcatct ggtggcatgg 1380
cagcatgggg aggtcacac acagaagttg cacgtggaca tctgttttaa tcagcacaag 1440
tgaattaacc atgcttcttc atttttttac tttagttaaa aaagaggaca ttaatatatt 1500
tacatgctgt aactatcagg acatggttag caatctcaat ttcatttttg atattcaa 1560
taattcttac agcttgagca tatcagcctt attaccagag caaatccttc cttcagatgg 1620
gatagtttac tgactagtgt gagcatttgt aagcacatgg tgaaatcagc cctgcccac 1680
caaaataatc tttatgttac caagtgttcc ccatttgtct aaggatttga agggggtcta 1740
aattggatgt atcttagtct aaagaaccaa aaccatcctt gaaatgcctt gctaatacac 1800
ctaactcttc catatatgtg ccatacttat ttttttcttc agtgtatact ttatgttaac 1860
agggttatta caaagcacat tttctgaatc tgcaatcatt cctttgacaa ttactggacc 1920
caaaggaaaa ttcattttct ttgcattatt ccagtaatat ataaaaactg tgtcttgtaa 1980
tagtagtaca ttatgaatca catataaaat cttacaatac agaacaactg ttaagatgga 2040
aaacagtgcc aaacctccac agctcatttc tttgtaatat aatcagaatg aaaaataatt 2100
taagaggaca gaagactggt acttttttgt tttatttttt ctctagctta tccctgcaca 2160
attattagag tgaatgaaaa accactttcc tgctttccat tgttataaat tctaagctta 2220
agataaaaagt ggttctttac atgactgaat caattacaat ttatgggcta gagccaaata 2280
ggttgaagac aatcatccaa acagatcaat ggaatagaat ttcattggaa atgtaaaaca 2340
ctttcccaac aatggtcatg actttcttct gtttttgaga agagtttcat atgctggacc 2400
acatttttagc ttttattgtt ttttttttcc cattgtccaa aaagttaagc aacaagtggc 2460
cacactttta cgtgactaca acctggagtt ctgcaaagaa ggtaatatat acttggctct 2520
tgactaaagt tatctcccca ttctatggtt acattttatt ttggactatg gggacttcta 2580
atacgttttg gtaaagaaga gagtataaag aaaattcttg tcaaatttca ctcaaaagta 2640
atttcatgag aatcaatga tttaaagcat tatccaaatt aaattatcat ttgcagcaaa 2700
ctgtacaaca gcaggaagga tatggaatgg aacatgaggt atatatcttt gcctttataa 2760
ttttaacatc ttatattgaa gattctgaaa acctatcttt attagaggaa aatctcaatc 2820
ttcagttttg gccttctgtc accagaatga taagtgcaat agttgtaaat ctacttgaca 2880
ctgtaataaa ctgaactgaa ctttcaaaat ccctttctca tactagactg agttttttga 2940
gaatggaggt gg
2952

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2313 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```
cataatagtt aactctaact actgttttaa catacatttg atttaacaaa ttgttcagca 60
taacacttct aattaagttt atcaagttgt actgtattag ataatcagca gtgtatctgg 120
agtatgttta aagagaacag ttcgcaatac aaaaagttac atggagcttt acatcttaac 180
tttctttgtc aatttaaatg caatgtataa aaagtttatt ttgctattgt gaaaaactaa 240
atgtaaagga aatcacctac ttcatgacag gtgtataatc ttgaaaagga aaaatgcttc 300
catgttgaag ccagattttc tgtagtataa cttttaaata ttattttaaa agaaatatgt 360
atataaatat ctctatatcc tttggaatga tactaaagtc tctggtctag gaccatacct 420
tatataaagg tataagagac catgacaatg tctgaaaatg gaatagataa tgatgccttt 480
tatttaaaagt ggcccacata atatacattg agtactccat ctctccaaat gtatttccat 540
aatgtgttga aaacatgcta acattttgtat gatttttata cttctgccga atagacttag 600
aatcagatga attgtctgtg tgtcttgcaa aagagttggg gacaacttgg gcaggcctat 660
gaagtgcata gggagtgtat gtcttctgaa tgggttttatt gttcttgtaa tctagcttaa 720
agaaatgtta actgggaggg tgctgaggcc actcactgca ttaattttgt gtgttttagag 780
ttctgttgct aaaagaaaac taatgaataa attagtttgt cattctagaa tttaaagttc 840
taagattagt ataaagagta tatagattgt taatccccac cagctagact ttgaacttaa 900
gtcagactta aagatttgag aaattatttg tgtcatttac tagacgtgat ttttagttct 960
gtttgattat atttcttaca caaacttctt atttaacagg atagcctact aaattaaatg1020
tttcttattt cacttaactc atttgattaa actgtattct aaaacatttg gggtttttcc1080
ccctattcag ttttaattctt ggaatatgca tttgtaaatt gtgatgtcat tgagactata1140
tttatatttg acttggcaac attaacatgt cctaagactt agtgcagaga agcttggcag1200
tacgttcttt gacttaagga tggcataaaa taatcatttt tgaacctgtg taataaagct1260
tgaaagcagg gaaaagaatt tccttttccc ctttttttgt gttgtctata ggaattaact1320
tgggattgtt ttgtgggttt ttgtttgttt taaatgtaaa ttgagaatct tttataagaal380
ataaaagcat tattgggtgc ctttgtttgt aaacccaaaa gtaataaatg aatccctata1440
tttccattat agtatttatt gtatttttat gttctgaaaa ttacctatgg aacaatatgc1500
ttaggattac aggaagcagt ccttacttac acttcttgct tgtttttaggt gtacttggtta1560
attcttatgt cctaatttta ttttaattctg agttccttac acagcatttt agggaaagaa1620
tacaggcagg atgacacttt gtgttaaagt gttattttta tgtattacct ggaatgaggc1680
agggtttttt ctgttttcta aaaagagtaa ccaagatacc tccagggtgt cattgggttc1740
cagctgtctt cctccacatt gaatgatata ttgttaattt ataggcacat ttgtggtaat1800
ttatatgtct atagagtaag tataagagat aattcattag taataggaat taactgacct1860
cttttggtat ggggagagca tcaggctggg gtcaggtaag tgtaaatggc cttctgagca1920
tgctcttcta ggctgactcc cagccctgac ttgaaacctt tagcgctaac ttgctctgtt1980
ttgagaaaaa ctttccaaac ttttgcattga gaaactagaa aaagggaatg atgccacgta2040
actggattac agaaatgagt taattgtctc tgtgataaaa aaaaaaaatg aaatattttc2100
ttattgaatt aatatttttg tcttgaagca tttctagtgt atagaatgta tttgtctttt2160
ttcctgggtgg taccctctta gcatatatct ttgctatcct taagatccta aacaaatcat2220
```


ctttgtcagt taagtatagt tgcgcaaaaa ttgttaaato ctttgtcttt attaaagaaa2280
 aatttgagta acaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa 2313

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1650 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

ccgcggggct  gggggagctc  ggggagcctg  cgggaccggg  ggagcccga  ggccaggggg  60
atcccgcggc  ggcgccaggg  aggcggagga  gcaggcgggt  gaggcgaggc  aggaagagga  120
gcaggacttg  gatggtgaga  aggggccatc  atcggaaggg  cctgaggagg  ggggacggag  180
aaggcttctc  cttcaaatac  agccccggga  agctgagggg  aaaccagtac  aagaagatga  240
tgaccaaaga  ggagctggag  gaggagcaga  gaactgaaga  ataacgaagt  tatccttagc  300
gtcctcctaa  aggccttttc  ttttggcatc  ttaaaagcct  gagagataaa  acggaaaccc  360
cagagaggag  tctgggcagg  ctcccagggt  gcatgctgcc  tccataaatc  tgctgagctc  420
tagaccctca  atcaggactt  gtcccttggc  tagcaggatc  ctgggaacac  ctttggccct  480
gccttgtgta  gagatgttca  tgtctgttcc  tgtgggtcac  tttgttaagc  tgaagagttt  540
taagaggtag  agctcagacc  ctggactggg  atttttctta  ccaactcaac  ttgctatcca  600
cacaccctgc  acaccctaga  taaaaagaac  attttaaaag  cagagttcac  tttcactcca  660
gtctcccttc  ttttgccttc  actgaagcca  aaccacagaa  gactttgagg  aatgagagac  720
aatgaggta  gagctcacct  gtgctcacca  gtcctgctag  ggtgggtcag  cgaccccttt  780
ccctgggaac  cccacttctc  tctgtggttg  gcttggttgt  cgggggtgag  atgccatatt  840
gattacaggg  cagcaaagaa  ccagtaccag  gaatttactt  gaccattccc  cttatttttc  900
atctagagga  atctcggtat  cagccctttc  attgctaaga  cacccttttc  ctgaggttct  960
taccagctca  gccaaatctc  cactctgcta  tagcagaagc  aataatgttt  gctttaaaaa  1020
gatttcttga  cctatgcctt  ttcttagaaa  gttttagata  ttagtttaga  cttcagatca  1080
tcagatcagt  ctcaaattgg  tttcttggaa  ttttatattt  gacaatattt  atactatacc  1140
aaactcattt  gtcattctta  ggtttgttgg  ttaaaacatt  tttttaaagc  agtaagttta  1200
tagaaaatgt  ttctatttaa  tggaaggctg  gggaatgtcc  agcatcaacc  cctatggaga  1260
gcattcccag  tggccttctc  atctgggctt  ggaacctttg  gttcagggtc  tagggggaga  1320
caggccacat  ggcaacagcc  acacagtcac  tgccttcaac  acagagccac  gtgtcccca  1380
acagcaatag  tcatgccctt  gtccaggctg  ggatctaatt  gatacaatag  gtcgttgact  1440
ccctcctagt  agagctatct  aggtttgtct  ggaaagtttc  cgaccctggc  ttataggcac  1500

```

```

cacacctcat gtactcctca tggcttggat ctctgtatc agcctttgtt cagtccaata1560
aactttgagt agatgatctc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaagg gggagaaggg aagaaggaga1620
gggcacaaag gcggaatggg ggtgagcttt                                     1650

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

cgccccgcgc cgccccgcgc ctgtcagctc cctcagcgtc cggccgaggc gcggtgtatg 60
ctgagccgct gccgcagccg gctgctccac gtcctgggcc ttagcttctt gctgcagacc 120
cgccggccga ttctcctctg ctctccacgt ctcatgaagc cgctggctgt gttcgtcttc 180
ggcgccccgc gcgcgggcaa ggggacccag tgcgcccga tcgtcgagaa atatggctac 240
acacaccttt ctgcaggaga gctgcttctg gatgaaagga agaaccaga ttcacagtat 300
ggtgaactta ttgaaaagta cattaaagaa ggaaagattg taccagttga gataaccatc 360
agtttattaa agagggaat ggatcagaca atggctgcc aatgctcagaa gaataaattc 420
ttgattgatg ggtttccaag aaatcaagac aaccttcaag gatggaacaa gaccatggat 480
gggaaggcag atgtatcttt cgttctcttt ttgactgta ataatgagat ttgtattgaa 540
cgatgtcttg agaggggaaa gagtagtggt aggagtgatg acaacagaga gagcttggaa 600
aagagaattc agacctacct tcagtcaaca aagccaatta ttgacttata tgaagaaatg 660
gggaaagtca agaaaataga tgcttctaaa tctgttgatg aagtttttga tgaagttgtg 720
cagatttttg acaaggaagg ctaattctaa acctgaaagc atccttgaaa tcatgcttga 780
atattgcttt gatagctgct atcatgacct ctttttaagg caattcta atcttcataac 840
tacatctcaa ttagtggtctg gaaagtacat ggtaaaacaa agtaaatatt tttatgttct 900
tttttttggc cacaggagta gacagtgaat tcaggtttaa cttcacctta gttatgggtg 960
tcaccaaagc aagggtatca gctatttttt tttaaattca aaaagaatat cccttttata 1020
gtttgtgcct tctgtgagca aaacttttta gtacgcgtat atatccctct agtaatcacal 1080
acatttttagg atttagggat acccgcttcc tctttttctt gcaagtttta aatttccaac 1140
cttaagttaa tttgtggacc aaatttcaaa ggaacttttt gtgtagtcag ttcttgacac 1200
atgtgttttg taaacaaact caaatggat tcttaggagc atttttagtg ttattaaata 1260
actgaccatt tgctgtagaa agatgagaaa acttaagctt tgttttacta caacttgtac 1320
aaagttgtat gacagggcat attctttgct tccaagattt ggggtggggg cactaggggt 1380
tcagagcctg gcagaattgt cagcttttagt ctgacataat ctaagggtat ggggcaaggaa 1440

```

```

tcacatctaa tgcttgtgtt ccttatactc tattatatag tgttattcat gattcagctg1500
atcttaacaa aattcgtagc agtggaaacct tgaaatgcat gtggctagat ttatgctaaa1560
atgattctca gttagcattt tagtaacact tcaaagggtt ttttttggtt gttttctaga1620
cttaataaaa gcttaggatt aattagaaga agcaatctag ttaaatttcc catttgtatt1680
ttattttctt gaatactttt ttcatagtta tttgtttaaa aagattttaa aatcattgca1740
ctttggtcag aaaaataata aatatactct ataaatgttt gattcccttc cttgctattt1800
ttattcagta gatttttgtt tggcatcatg ttgaagcacc gaaagataaa tgatttttaal860
aaggctatag agtccaaagg aatattcttt tacaccaatt cttcctttaa aaatctctga1920
ggaatttgtt ttgcctttac ttttttttct tctgtcacia tgctaagtgg tatccgagg1980
tcttaatatg agatttaaaa tcttaaaaatg tttcttattt tcagcactta catcatttgg2040
tacacagggt caaatagggc aaataatttt gtctttgtat aatagatttg atatttaaa2100
tcaactggaaa taggacaagt taatggatgt ttttatattt taatagaatc atttatttct2160
atgtgttatg aaattcactt aatgataaat ttttcaacat acttgccatt agaaaacaaa2220
gtattgctaa gtactataac atattggcca ctaaaattca tattgagatt atcttgggtt2280
cttggaagag ataggaatga gttcttatct agtgttcag gccagcaaat acagagggtg2340
tttaatcaaa cagctctagt atgaagcaag agtaaagact aagggttcga gagcattcct2400
actcacataa gtgaagaaat ctgtcagata ggaatctaaa tatttatagt gagattgtga2460
aagcaacctt aaagttttga agaagactga tgagactagg tgctttgctt ctttcatca2520
ggtatcttct tgtggcattt gagaacagaa accaagaaac atggtaatta ctaaattatg2580
aggctttgct ttttgtttgc ttttaagtag aaaaacatgt tggcaacatt gagttttgga2640
gttgattgag ataatatgac ttaactagtt ttgtcattcc atttgttaaa gatacagtca2700
ccaagaatgt tttgagtttt ttgaaagacc ccaatttaag ccttgcttat ttttaaat2760
tttcattca gtgatgttg atgtatatca attatttagt aaataatctc aataaatttt2820
gtgctgtggc ctttgctaaa aaaaaaaaaa t 2851

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

attccaaaca tggcggtccc actagggggt atgttttctg ggcagccacc cggccccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgtcct 120
agacctcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca 180

```

```

tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgtt 240
gatcagtgtg tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacaa 300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa 360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg 420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagcccgc cgacatccct 480
cagggtccct tggcctacct ggagcaggca tctgccaaaca tccctgcacc tctgaagcca 540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgctgta ggttggccac 600
acattccctc ctgtggactt gacattttgg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt 660
ttagttttat gctccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga 720
gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta 780
gcgaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatgggtggc tttgcttgtt 840
ttaaattttt gcatgacttt tcatcttttt atgtgtgttt cctgtagttt gatccgaagg 900
aaaagagtat agtagcctga gaatcaggag atgggagttt tagtcgtagg ccttatgata 960
attaccccgc ggtggtgtgt agaaaagtat gtaaatgtgc tctgttttaa gactttgaac 1020
tacctcaaga agaggaatct aatacaatat ttgtaatgtt tccagaaaaa a 1071

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

agcttgccaa ttctgtaact ccttgggata tcttgetgag ctttaattgca gctgccactc 60
atgatctgga tcatccaggt gttaatcaac ctttccttat taaaactaac cattacttgg 120
caactttata caagaatacc tcagtactgg aaaatcacca ctggagatct gcagtgggct 180
tattgagaga atcaggctta ttctcacatc tgccattaga aagcaggcaa caaatggaga 240
cacagatagg tgctctgata ctagccacag acatcagtcg ccagaatgag tatctgtctt 300
tgtttaggtc ccatttggat agaggtgatt tatgcctaga agacaccaga cacagacatt 360
tggttttaca gatggctttg aaatgtgctg atatttgtaa cccatgtcgg acgtgggaat 420
taagcaagca gtggagtga aaagtaacgg aggaattctt ccatcaagga gatatagaaa 480
aaaaatatca tttgggtgtg agtccacttt gcgatcgta cactgaatct attgccaa 540
tccagattgg ttttatgact tacctagtgg agcctttatt tacagaatgg gccaggtttt 600
ccaatacaag gctatccag acaatgcttg gacacgtggg gctgaataaa gccagctgga 660

```

```

agggactgca gagagaacag tcgagcagtg aggacactga tgctgcattt gagttgaact 720
cacagttatt acctcaggaa aatcggttat cataaccccc agaaccagtg ggacaaactg 780
cctcctggag gtttttagaa atgtgaaatg gggctcttgag gtgagagaac ttaactcttg 840
actgccaagg tttccaagtg agtgatgcca gccagcatta tttatttcca agatttcctc 900
tggttgatca tttgaaccca ctgtttaatt gcaagacccg aacatacagc aatatgaatt 960
tggttttcat gtgaaacctt gaatatgcaa agcccagcag gagagaatcc gaaaggagta1020
acaaaggaag ttttgatatg tgccacgact ttttcaaagc atctaattctt caaaacgtga1080
aacttgaatt gttcagcaac aatctcttgg aatttaacca gtctgatgca acaatgtgtal140
tcttgtagct tccactaagt tctctctgag aaaatggaaa tgtgaagtgc ccagcctctg1200
ctgcctctgg caagacaatg tttacaaatc aactctgaaa atattgggtt taaattgcct1260
tgtagcatga ttgtgaagga accactcaaa caaatttaaa gatcaaactt tagactgcag1320
ctctttcccc ctggtttgcc ttttctctct ttggatgcca ccaaagcctc ccatttgc1380
tagttttatt tcatgcactg gaaactgagc atttatcgta gagtaccgcc aagctttcac1440
tccagtgcgc tttggcaatg caattttttt tagcaattag tttttaattt ggggtgggag1500
gggaagaaca ccaatgtcct agctgtatta tgattctgca gtgaagacat tgcattgtgt1560
tttactact gtacacttga cctgcacatg cgagaaaaag gtggaatgtt taaaacacca1620
taatcagctc aggttatttg ccaatctgaa ataaaagtgg gatgggagag tgtgtccttc1680
agatcaaggg tactaaagtc cctttcgctg cagtgaagtga gaggtatgtt gtgtgtgaat1740
gtacggatgt gtgtttgcgt gcatgtttgt gcatgtgtga ctgtgcatgt tatgtttctc1800
catgtgggca aagatttgaa atgtaagctt ttatttatta ttttagaatg tgacataatg1860
agcagccaca ctcgggggag gggaagggtg gtaggtaagc tgtaacagat tgctccagtt1920
gccttaaaact atgcacatag ctaagtgacc aaacttcttg ttttgatttg aaaaaagtgc1980
attgttttct tgtccctccc tttgatgaaa cgttaccctt tgacgggcct tttgatgtga2040
acagatgttt tctaggacaa actataagga ctaattttta acttcaaaca ttccactttt2100
gtaatttgtt ttaaattgtt ttatgtatag taagcacaac tgtaatctag ttttaagaga2160
aaccggtgct ttcttttagt tcatttgtat ttcccttggt actgtaaaag actgtttatt2220
aattgtttac agtttgttgc aacagccatt ttcttgggag aaagcttgag tgtaaaagcca2280
tttgtaaaag gctttgccat actcatttta atatgtgcct gttgctgtta acttttgatg2340
aataaaaacc tatcttttca taaaaaaaaa aaaaaa

```

2375

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1823 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

gtcaggataa ccttaaggat agatgaaggg ttgagagcct gtgcctcatt tctgagttct 60
cagctgctat gccgtggaaa tctgttttac tttctgcac tgctcctgca agactctgga 120
gccagtcttg aggtcctaca tctccgaaag caagctcttc tagaagttga tagctttcca 180
atgattagac gaattgattc tttctgtgac tcatcagttc atttctgtga aaattcatgt 240
cttgctgttg atttgtgaat aagaaccaga gcttgtagaa accactttaa tcatatccag 300
gagtttgcaa gaaacaggtg cttaacacta attcacctcc tgaacaagaa aaatgggctg 360
tgaccggaac tgtgggctca tctgtggggc tgtcattggt gctgtcctgg ctgtgtttgg 420
aggtattcta atgccagttg gagacctgct tatccagaag acaattaaaa agcaagttgt 480
cctcgaagaa ggtacaattg cttttaaaaa ttgggtttaa acaggcacag aagttttacag 540
acagtttttg atctttgatg tgcaaaatcc acaggaagtg atgatgaaca gcagcaacat 600
tcaagttaag caaagaggtc cttatacgta cagagttcgt tttctagcca aggaaaaatgt 660
aaccocaggac gctgaggaca acacagtctc tttcctgcag cccaatggtg ccattcttca 720
accttcacta tcagttggaa cagaggctga caacttcaca gttctcaatc tggctgtggc 780
agctgcattc catatctatc aaaatcaatt tgttcaaatt atcctcaatt cacttattaa 840
caagtcaaaa tcttctatgt tccaagtcag aactttgaga gaactgttat ggggctatag 900
ggatccattt ttgagtttgg tccgtacccc tgttactacc acagttgggtc tgttttatcc 960
ttacaacaat actgcagatg gagtttataa agttttcaat ggaaaagata acataagtaa1020
agttgccata atcgacacat ataaaggtaa aaggaatctg tcctattggg aaagtcactg1080
cgacatgatt aatggtacag atgcagcctc atttccacct tttgttgaga aaagccaggt1140
attgcagttc ttttcttctg atatttgag gtcaatctat gctgtatttg aatccgacgt1200
taatctgaaa ggaatccctg tgtatagatt tgttcttcca tccaaggcct ttgcctctcc1260
agttgaaaac ccagacaact attgtttctg cacagaaaaa attatctcaa aaaattgtac1320
atcatatggt gtgctagaca tcagcaaattg caaagaaggg agacctgtgt acatttcaact1380
tcttcatttt ctgtatgcaa gtctgtatgt ttcagaacct attgatggat taaacccaaa1440
tgaagaagaa cataggacat acttgatatt tgaacctata actggattca ctttacaatt1500
tgcaaaacgg ctgcaggtca acctattggt caagccatca gaaaaaattc agtgagtctc1560
ttgaaaatgg gtattttgat atgatctgta gtatcgtagt atcttcttgt aaggacatga1620
gtaaatctat gtaagtaagt gggaataaca tctggatatca acttatcttt agcttaatgt1680
caccaatcag tattaatgc ttatgactaa tttcacagat tttggaatgg ttttatgggt1740
ttatttgagc atttgatagc atctctgatt ttgttagctg cgcaaatatt tctatgacaa1800
taattaattt ttggaattca tat

```

1823

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```
tgaaactcct gttttccgaa gatcagcaag gcggttctct ggaacagctg ctgcagaggt 60
tctcatcaca gtttgtgagc aaaggcgact tgcagacgat gctgcgagac ctgcagctgc 120
agatcctgcg gaacgtcacc caccacgttt ccgtgaccaa gcagctccca acctcagaag 180
ccgtggtgtc tgctgtgagc gaggcggggg cgtctggaat aacagaggcg caagcacgtg 240
ccatcgtgaa cagcgccttg aagctgtatt cccaagataa gaccgggatg gtggactttg 300
ctctggaatc tgggtggtggc agcatcttga gtactcgctg ttctgaaact tacgaaacca 360
aaacggcgct gatgagctctg tttgggatcc cgctgtggta cttctcgtag tccccgcgcg 420
tggtcatcca gcctgacatt taccctggta actgctgggc atttaaaggc tcccaggggt 480
acctggtggt gaggtctctc atgatgatcc acccagccgc cttcactctg gagcacatcc 540
ctaagacgct gtcgccaaca ggcaacatca gcagcgcccc caaggacttc gccgtctatg 600
gattagaaaa tgagtatcag gaagaagggc agcttctggg acagttcacg tatgatcagg 660
atggggagtc gctccagatg ttccaggccc tgaaaagacc cgacgacaca gctttccaaa 720
tagtggaact tcggattttt tctaactggg gccatcctga gtatacctgt ctgtatcggg 780
tcagagttca tggcgaaact gtcaagtga gacactactc attatttttg tacatttttg 840
tatatactgg gacagcgtga aacactggaa tccttcatgg acgagggcat atacaatgat 900
gggacagtgc cacactcctt caataaacgt ggctgctggc cagaggacgt gagcgtgtga 960
cgggcgcctt ggcgccacct gttgggtgct cactgcctct gcaggtgcag aggggtcagc 1020
agcaggagaa gcgtgttgaa cacgtggctc tcagacactc cttgttttta acgggaagct 1080
ctttgcattt gcatttcctc aacaaaggag caaagcagag gaagctgaga gtctggcgtg 1140
ttcttgacgc tttggtcttc agccttgac tggctcttct aaaggacttt tggagggcag 1200
ataatttcat ctgttaaact caacacacat ttctttcagg gaaaaacaat gtcaccaaatt 1260
tttcagagtt ctaaactcct ttcttcaag ccggaatttt ctttttttca gcaccagtag 1320
gtactaagtc tccagatggg gaaataacta aaatgtgttt ttctgctttg ttctgtctta 1380
cctctgagca aggtttccag tcaggactcg ctgtaccaat atccatggag gaatatggga 1440
gcgtttcgct ctccttgtag gctgaagtca gtctgacttg aaggggcctg gtttggatct 1500
aagcaaacac ccagatgggg ttctctgttc tcagcaaggc ttttctgtt gggagtcaca 1560
gtaaacagaa acccaaaaat ctcatcttgg gtgttttcag ggcttgttt gagttttgct 1620
gaatagggag cgcaagacgc cctgagcctc cctctcactg gtggtgataa gaggagccgt 1680
ctggtgtgtc agggtcacga acccggtaca tttcaggacg atcctttttc cttcagcagc 1740
atttcttact ggctgtggct ggaatctgcc ttttatcaca gctgtcacca ttctcacgtg 1800
attcttgtga gactcttttt ggttataatt actatttaat atttagacta ttttactgag 1860
cagactttat aaatgagata tctacaaggc acttaaagtg ttacagatgt tttaccttaa 1920
gaattattta agttgtgttg ggttaagaca gttttcagtg taccgtaaatt gttgtgtttt 1980
cagaaaaaga caaaacgatg gtgctgactg gttttctgta tattgcacaa cagtccctca 2040
atacactgat gtatgaaact attcatacat caagcagcat ttttttctact ctcttagaa 2100
ttggaactat gcagttaagg cagataaaat gtacagatgt ttcatatatt acaggttaca 2160
tatataaatc aaaatttcct atataaaact gatttgggat ttggggtgga aatattttga 2220
atattaattt atttttaaa atgcaagata ggactttgtg caatgtattt ttgtaaatgc 2280
ttttcaaaat atctgtcttt ggtagtgtct ctgctgtctc caccaaattg ataagatgct 2340
attaagaggt ttaaataaag agttttaatt tttaaaaggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2400
aaa
```

2403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

actaagattt tatgttgagg atacttcttt aaataaccta cagcttgggt ctatggcttg 60
tgacccccag attcatggag gggcttttagc aatcagcttt gtacatcatc atttttctga 120
atgaccaatc ccactaaaca tctttgaagt cggcctagag aggtccttca gatgattcag 180
aaatagctgg cttgtctgag tccagatttc tcatcaactg gcaatacaaa ggaaaatatg 240
gtacaggagt tagttagaaa ggtcttattg attttacttc tacttttcac tacagttaca 300
ggtagaatac tgtaggaagt cagtgcaggg tgcattgctg attgatagat attgattgtt 360
tttcagtcctc tgggggtcagt tttgtgggtt ctgctttctt gcctaaatca aagactatct 420
caagtcaaca aactgaaaaa ctgcttttctg cctccactct tacagctgtg cctaataata 480
attaattaat aaacgcacag ccctatgtga acagacagga atttcttgtg caatgtggag 540
caaatggaat ggtctccttc cgcaagtctt tttaatcctc atatctggag tacaagggtg 600
gacctctggc ttaccacata cactatgcta aagtcattcag ccactgctac tacatcttgc 660
cagaagggtt ccctcgccaa caaacagttg aaatttaagg gaagaagcaa aagctaaact 720
gtctttgacc ctaagataga tagaaagcta tttatttgtc ttcagtgttc aaggcatgac 780
tagtatttct aattagccta ataaattccc acactttctg aagtgaacac taatggtatt 840
gtcctactaa aactgtcatt gtttcttttt ttttaactgg tcagtcattc acaataagct 900
atgagggtaa ataaatatgt gttataacaa gtaaaccgta gttgcaagaa tataccatga 960
agattaaagt aggtctgggt tcatttccat cttcccacac atctcattga atttgatggt 1020
tgacttaatt ggcaccataa ctttgtatga tattatacat taacctttat ttatgtaaag 1080
taaaatgcct tatatattaa agagtaagtg caataatatg aaatagcctg tacattttta 1140
aaatgttgtc accaagttat ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt 1200
ttaaaaaaaa taaacactct gcttactact tgaaaaaaaaa aaaaaa 1246

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1950 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```
gggggtcgcg  gccctgattg  cgccgtttcc  ccgcgccagag  ctgcccggcg  ccccgacggg  60
ccccggagca  gcggcccccg  gccggccccg  cctcagcctg  gagctccagc  taccacatg  120
caccttacct  gggttccgcc  cggtccctga  gtccccacaa  aatggctgat  ggaggaagcc  180
ccttcctagg  tcggagggac  ttgtgtctacc  cttcctcaac  ccgagaccct  agtgccctta  240
acggaggggg  cagcccagcc  aggaggggaa  agaagaagag  aaaggccgcc  aggctcaagt  300
ttgacttcca  ggcgccagtc  cccaagggag  tgactctgca  gaagggtgac  attgtctaca  360
tccacaagga  ggtggacaag  aactggctgg  agggagagca  ccacggccgc  ctgggcatct  420
tccctgctaa  ttatgtggag  gtgctgcccg  cagatgagat  ccctaagccc  atcaagcccc  480
cgacctacca  ggtgctggag  tatggagagg  ctgtggccca  gtacaccttc  aagggggacc  540
tggaggtgga  gctgtccttc  cgcaagggag  agcacatctg  cctgatccgc  aaggtgaacg  600
agaactggta  cgagggacgc  atcacgggca  cggggcgcca  aggcatattc  cctgccagct  660
acgtgcaggt  gtctcgtgaa  ccccggtctc  ggctctgtga  cgacggcccc  cagctcccca  720
cgtctccccg  cctgaccgct  gccgcccgtc  cagcccgtga  cccagcgccc  ccttcagccc  780
tgcgccagcc  agctgacccc  accgacttgg  ggggacagac  ctcccccgct  cgcactggct  840
tctccttccc  caccagagg  cctagacccc  agaccagaa  tcttggcacc  tctgtccag  900
ctctgtccca  ctctcgaggt  cccagccatc  ccctggacct  ggggacctcc  tctcctaaca  960
cctctcagat  aactggacc  ccgtaccggg  cgatgtacca  gtacaggccc  cagaacgaag  1020
acgagctgga  gctgcgcgag  ggggacaggg  tggatgtcat  gcagcagtg  gacgatggct  1080
ggtttgtggg  tgtctcccg  aggaccaga  aattcggaac  gttccctgga  aattacgttg  1140
ccccgggtgt  agtggctctc  atggcaactt  ggagccagcc  aggatgggg  ggggagcgg  1200
ggcactcgtg  ggagggagag  gacccccgcc  cacatcctcc  tccccagga  cctgagctcc  1260
cagcatctgc  agacgacccc  cgcagcattt  ccctcggacc  cccctcgaag  cccctggac  1320
tgattccac  ccacgactca  caggcattcc  tcccacagcc  ctttcatttc  ctccccaccc  1380
cactcccaaa  atacagaggt  ctgctttgaa  gcggagacca  tttccaggcc  ttattgagac  1440
cagacccaa  gtccccacc  cccatcctgc  tcagcgttt  cctctaacag  ggaccagctc  1500
tccgctttgc  cccacgggg  ttcttctaac  cagaaccagc  ttctagcct  cgtagagacc  1560
aaaggccgcc  ccgcctgct  ggggttcttc  ccagcacc  agcttgctgg  ctgcccctct  1620
tgctttctgg  cctccagctg  ggtgtgggg  ggccgacaag  gcgggggaca  gacgcagcac  1680
cttcttagcg  atctaggcct  ggcaagagct  ctggcccaaa  ggctcctct  tcccaggggc  1740
tgccaagtcc  tggccctggc  cctggcatat  caccgcgac  tgtggggcca  ggcaccacta  1800
gcctggctca  aatattcccc  agggagactg  ctgtgtgctg  ccgcctgccc  tgctggctct  1860
ccccagccc  cacatccct  ctggaagaga  atgtaaaata  aacctggaca  caagggaag  1920
aaaaaaatag  attggggggg  aggaaaaaaa  1950
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

cgggggcgag ccggggcctgc gcggtagtg gacccgaccc tgtctccagt gggcgtcttg 60
ggccccggct ctattctggg ctgcgggcct gggaagggtc cgccgggtgc caaatgagct 120
gtcctaactc tgcggggctg cagcttcctg catgatgctg gggagcttgg cgctgaccc 180
aggatctaga aggcactctg ggcaggccgc gtcgcgcca cgaagggtacc caaccctctg 240
ggatagatgc aggaagcgat ggttaagacc cattttcacc caacttctcg ccgcagtctg 300
gettaccaca cgctcctccc cattcccagt gagccgcttt ttgcagcacc aggcgaacac 360
ttacaccagt gctttgtaaa ggaatcttat tgtccacccc gtgtcttggc aaaagaacag 420
tgatcacaca gattcctact tgggctcttt cttttaatct tcggaggctg agtttgccca 480
actcagggtt aaccaccaag gactctgaga gctggcaggc ctgagtaacc ctggtaacaa 540
ttctcttcac cttatcaaaa cctgagctaa aaccaatgca tcagctgatg atgacagcag 600
agagtggcag ggctgaggac ccaaagtcac ttcccaggct ggcgagagaat aaactgccag 660
ggagaagaat gagaagacag gagacaaact gtttggaag ctaaatcttc cctcttaatg 720
aataaagggt tttgccttgt cttaaaaaat aacaggaaga agcagggaaa aataaataac 780
ttatggtaat ctggaattgt attttghtaat atta 814

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 747 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

tgggcacgcc cggcccgtag cccggcccgc tgtcgccgcc gcccgaggcc ccgcccgtgg 60
agagcgccga gccgctgggg cccgcggccg atctgtgggc cgacgtggac ctcaccgagt 120
tcgaccagta cctcaactgc agccggactc ggcccgcacg ccccgggctc ccgtaccacg 180
tggcactggc caaactgggc ccgcgcgcca tgtcctgccc agaggagagc agcctgatct 240
ccgcgctgtc ggacgccagc agcgcgggtc attacagcgc gtgcctctcc ggctaggccg 300
ccggcgccgc ccgggtccct gcagcgcttc ctcccgcagc ccccgcgacc gatccgaccg 360
cgtcgctgcc gctctgctct ctcatagcgc tgtatgtttg gttccatgtc acagccccct 420
aggagccagt gatgctcggc ctgcgccccg ttccacctcc caggccaccc ttccctgggct 480
tctggggcac ctgccctcgg ggggcccctg cgagggtgcc tggagtcccc acgtgtcccc 540
gggcttttcc aggaagcccc agcccaggac ctggtggcag agttgccagg gttacatttt 600
tgaagcacct gtccttttcc ttgcagtgtg ttttctacaa ccagattgta ttaatatatt 660
ttactttgcc cttttaaaaa atatacctaa tacaatatat ttaattttta attaaactct 720
taaacttttc ttccaagaga aaggagc

```

747

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2419 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

cttttgccac ccagtaccgg atagtggacc tgcctggtgga agccgcgggg cccggccagg 60
gatcgctgca tggaatttct ggtggagcct gtcccgaagg aagggttccg ggtacctcag 120
gccgagtggg gcagggcagt tctgctttat tcagcccctg catgagcgga tgctaaggcc 180
gggtggtctc ctggcctcgg gctgaggcct ctcccgggt gtctgcccct ggccctgcgt 240
ggacctgcta agtggcccac agtggcagcg aggtcccggc cccggggctg ggggtgggaga 300

```

```

ccccgggctg agtgetgtgg ctttctggtg gggggcgatg gaaacaggaa accaagcagt 360
gggatcgag cgttggtcac tgcgaggcga gtggcgggct ttctgtttct gccttgcccc 420
tccccacggt acctggttcc caggtgaaaa tgaaaggagg ggagaagttg agaacagaaac 480
attccataaa ggatatttcc taataggctg caagatgctg atgccgagaa tgatgatttt 540
ctttcctgca gatgaaacta ttagaaaagg tcttagattg tggcaggtag gctttggagc 600
aggcgccgag acattttctga gcatgaggac gagctacagc agctcctggg gtggggctgc 660
ctgcggggatg gcgggagagg atgccttggg gaaccgtcct ccagtggtgg aaggcccttt 720
tccctgagga gtgggcattc tgggccagcc ggcgctggtt tctgtcctcc acgtgggcca 780
gccccagctg ctccgtgttt cctggcgttg gcaatttact gtgtgtctga gtgtgaggtc 840
atctccggag cgttttccagc agcccttggc tctgcggcgt ctcttcggg ctgtgggcat 900
gcagggaagt ggctgtgagg cagtctgcgc tgtggccctg cctctgcca gcgagaggcc 960
gtgggctctg gacaagccgc ccttcaggct ggggtagcag gtcagtccag gcaggaagca1020
gcacctgccc ccgcgcgcag ccagcccca gcctgagtgc aggagctgca ggaccgcgg1080
gggttttcc agctactctg ttccttcacg tccctccttc tcagcctcgt ccaagcaccg1140
ggaagacctc caggttgacc cttgagcag cagtcagcac aggtgcgtgg gggcgtgagg1200
gaggcagggt cttcaccaca ggcgccttcc tctgtccttc ctgctctttc ttctctgccc1260
aggccgctgc agctgcacag cctctgttac acctgggctg cctgggaggc ttcctggtgt1320
ggtgtctgga cccacggcc ttgggtcatc ctgtggctgg tctggggagg ggtctgtgt1380
ggtccttcca cgggtgtcagt ggctgaaagt cctcgccttt tggggggggg gtctctcacc1440
cccaggccac atagggccag tggtaggggt tccctctatg tgggagcag ctgagggctg1500
ggatgtctg tgacccacgc tggagccac acctaaaggc tggcatccac atcatttcac1560
cctgcagtga gggaagaggc caccagggtg cagcacagcc acaccgctc ccacgtcaga1620
ggagggcaag gctgggtact cagcagccac tctgagccgg ggctccttcc aggagctgaa1680
atccacctgt tcccatcttc cttgcctgcc tgggtacttc tgccaagcag agactgggat1740
taggggttct gtgtctcttg ctaattagga acattctccc atgtctctg tgtggtccca1800
gaaggagaag tgagtttgcc aaggatatgg ggcaggaggc tccctctgct gacccctgct1860
agcctggagc cagcccgggg actgtcctgg gtggagggca ggtgaacaca agctgtgctc1920
ggggactgtc ctgggtggac ggcaggtgaa cacaagcggc tgccgcatgt agccactcac1980
tcgacttttt ttcagctgtg accattcctg ggagctcttt gagcctttct gtctcatttg2040
gaaccagggg gaaccaggaa ggggctcctg gcctctctgt gtcctctgca gtgggggttg2100
tggggggcgc agatccacgc cttgctgccc ttctttcatg aagtctgttt ttaagtgtc2160
ggttcccccg aatattttat gcagaggagg gaaaatttat agtggcaatt atttctcac2220
agtctggtga gcaggcaatt aattaggagt aagggggcct agtagagcgt ggcgtgtggc2280
agaatcgcac cgccccggt cccagcccca ccgccatgca gggctcgcgt gcgggaaaac2340
taatatgccg gcgtttaagc ctgtgcccct ctgtgggtg taactgcgt gaaataaatg2400
atctgacaat gtgaaaaaa
2419

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

IASARLEEV T GK LQVARNLI MRGTEMCPKS EDVWLEAARL QPGDTAKAVV AQAVRHLPQS 60
VRIYIRAAEL ETDIRAKKRV LRKALEHVPN SVRLWKA AVE LEEPEDARIM LSRAVECCPT 120
SVELWLALAR LETYENARKV LNKAREN IPT DRHIWITA AK LEEANGNTQM VEKIIDRAIT 180
SLRANGVEIN REQW IQDAEE CDRAGSVATC QAVMRAVIGI GIEEEDRKHT WMEDADSCVA 240
HNALECARAI YAYALQVFPS KKS VWLRAAY FEKNHGTRES LEALLQRAVA HCPKAEVLWL 300
MGA KSKWLAG DVPAARSILA LAFQANPNSE EIWLAAVKLE SENDEYERAR RLLAKARTVP 360
PPPGCS 366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

MRTSKFILFI FSDVG NGLGF KRELEEGMFD SHRRFLQQMP LLAISHFFPQ ILPTEAQ AFT 60
VS 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

RPRLYKAKRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCE F

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

KTPSLQSKTK NNKWSCAMLY CFAQN

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

PKRRVSDTSS GPTPCMEPIL GRTHYSQLRK KS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIG GRNVVKGGRG YAAAPSVPEV AVIP

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSV ISDEKKVALL YLDNEEEEEND GHWF

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLNP QDFIGCLNVK ATFYDTYSLS YDLHCCGAKR 60
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQL LDATEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

NRGGVGFGVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIP L 60
PKPLVCAELA L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKLDK 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(A) LÄNGE: 411 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHLKKNHLQ THDPNKMAFG CEECGKKYNT MLGYKRHLAL 60
HAASSGDLTC GVCALELGST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR120
RHLVVHTGCK DFLCQFCAQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESLQTGDLL STFHTISPSF180
QLKAAALPPF PLGASAQNGL ASSLP AEVHS LTLSPEQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG240
SPPPPPLPNHK YNTTSTSYSP LASLPLKADT KGFCNLSLFE DLPLQEPQSP QKLNPGFDLA300
KGNAGKVNLP KELPADAVNL TIPASLDLSP LLGFWQLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP360
HRLSCLGQQQ QEPPLAMGTV SLGQLPLPPI PHVFSAGTGS AILPHFHAF R 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 314 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

KRCQRKQPLR GIGILKQAIK KMOMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFKPAL PYLDVDMMDI 60
CKENGAYDAK HFLCYYYYGG MIYTGLKNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL120
VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRFIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRLNV NKHSETFTRD180
NNMGLVKQCL SSLYKKNIQR LTKTFLTLSL QDMASRVQLS GPQEAKEYVL HMIEDGEIFA240
SINQKDGMSV FHDNPEKYNN PAMLHNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG300
SQEDDSGNKP SSYS 314

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

VLQEKIKIKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILAEYH 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

MDLSLLWVLL PLVTMAWGQY GDYGYQYQQY HDYSDDGWVN LNRQGFSYQC PQGQVIVAVR 60
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTEC WEEINRAGM EWYQTCNNG LVAGFQSRFY120
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTTEYP GHYGEEMDMI SYNDDYYIRG ATTTFAVER180
DRQWKFIMCR MTEYDCEFAN V 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

MGNGLSEERG NNFNHISPIP PVPHPRSVIQ QAEEKLHTPQ KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60
PKPRLSPRET IFGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPVT MIFMGYQQAE120
DSEEDKKFLT GYDGIIHAEL VVIDDEEEED EGAEAKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK180
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEEESLG SPVHHSPFDA QTTGDGTEDP SLTALRMRMA240
KLGKKVI 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

MPVLREYLMG GGICPVSRDT IDYLLSKNGS GNATIIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLRNRK 60
GFVKLALRHG ADLVPIYSFG ENEVKQVIF EEGSWGRWVQ KKFQKYIGFA PCIFHGRLGF120
SSDTWGLVPY SKPITTVVGE PITIPKLEHP TQQDIDLYHT MYMEALVKLF DKHKTKFGLP180
ETEVLEVN 188

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV120
LPCNQSVVVG SWGLEVSUSA NANVTVTIQG SIAFVILHL YKKPAPFQRH HLGFIYANSE180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWKQ240
RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQGMSREL 290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYI SLEFPSGFVL CLANDLGYHF 60
SSRVRS 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

VP GALPLAVG PPPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCCF VSFL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFLYFNQVFY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS IALYPRSLIQ TNTQNTKS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

MGNKEPGSHG HRSDADPSRF SPVLPPAVQL GVWREEGRGG SCPFSWGRGP VSSTWLFPKG 60
SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGGLISLL SRCSGSLI 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MGKGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGGG ERFDQPAITV FWLSYLARRL RDRYITS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MNRGPPTFWT FEDRGAKRDR SARGPHPAPL GEPLLTWVSL RLHQLVGLQA SPPDSPHCWA 60
TLNLKFHCPA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTCAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV120
KGCSGTLPPN LLEDPECGGR IGCLP 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 197 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK 60
AEKKSRRSR RQGWWTQVGV RLKSGSETRF DHTHHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL120
LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHTTTGPT IPLLASLRRP RDPQKPGEKE SWPLVSTAFR180
ATGGDAQMTW VKGLSQT 197

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

SEARNAPSGT AQTfamGfMT GTISSMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC 60
TGLFCVLGIV LLVTGIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLGNRKHT100
ISPEDYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQLMGD RN 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

HLLSPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPgKK ACLGELGRcr QCGWAGGQPV 60
VLLPAQ 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

PTSLIWPTTM FCSVHVLfKS ILNWLPSFKL NQTLKAWSSH TGPTFPHGNY ERAPAQQGLS 60
RSLPPPLPVP QIWPLLRKIR TATGPSEPKP T 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

LLPSFFLHFS LSIYFPHPTF LEQPLVLQEM ALMDRRLALP S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 471 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGEKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60
KSEVQQPVHP KPLSPDSRAS SLSESSPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ120
VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNVDEGFGH RPHKDLWASK180
NENEEILERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQOEK EDKPAETKKL240
RIAWPPPTTEL GSSGSALEEG IKMSKPKWPP EDEISKPEVP EDVDLDLKKL RRSSSLKERS300
RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRKGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV360
GKTTWQNKES KGETGKRSKE GHSLEMENEN LVENGADSDE DDNSFLKQQS PQEPKSLNWS420
SFVDNTFAEE FTTQNQKSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYYDEDEDE E 471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LPIPRCKYTL FLIAHMGPPY LLALVLMKLS WPWERCLPGR HSCLVQAKPL 60
CNASPFWCYE VPLCRRFHQQ LVTVPSTRTC FEIS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 324 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

GLSTFQNWLP STPATSWGGL TSSRTTDNGG EQTALSPQEA PFSGISTPPD VLSVGPEPAW 60
EAAATTKGLA TDVATFTQGA APGREDTGLL TTHGPEEAP RLAMLQNELE GLGDIFHPMN120
AEEQAQLAAS QPGPKVLSAE QGSYFVRLGD LGPSFRQRAF EHAVSHLQHG QFQARDTLAQ180
LQDCFRLEIK AQAPEGQPR LDQSGGASAE DAAVQEERDA GVLSRVCGLL RQLHTAYSGL240
VSSLQGLPAE LQQPVGRARH SLCELYGIVA SAGSVEELPA ERLVQSREGV HQAWQGLEQL300
LEGLQHNPPPL SWLVGPFALP AGGQ 324

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAMTPPNATE ASKPQGTTVC PPCDNELKSE AIIEHLCASE FALRMKIKEV KKENGDKKIV 60
PKKKKPLKLG PIKKKDLKKL VLYLKNGADC PCHQLDNLSH HFLIMGRKVK SQYLLTAIHK120
WDKKNKEFKN FMKKMKNHEC PTFQSVFK 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSVLIRS EIRYKISRPV TTDFIKSESL ILACLYLISE RMSTL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PDCESFMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:117:

- (A) LÄNGE: 27 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

TNEHTLTSYL QLPFSFNRIV KASCILI

27

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

RSNAVQLTRM EYAMKSLSL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARPCRVSTAD 60
RSVRKGIMAY SLEDLLLKVR DTLMLADKPF FLVLEEDGTT VETEEYFQAL AGDTVFMVLQ120
KGQKWQPPSE QGTRH 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```
EACAHTLSCP ALARLGRARR RPWMSHRTSS TFRAERSFHS SSSSSSAATS SSASRALPAQ 60
DPPMEKALSM FSDDFGSFMR PHSEPLAFPA RGGAGNIKT LGDAYEFAVD VRDFSPEDII120
VTTSNNHIEV RAEKLAADGT VMNTFAHKCQ LPEDVDPTSV TSALREDGSL TIRARRHPHT180
EHVQQTFRTE IKI                                     193
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```
MATFYPLFPN GGGTYPEVVN DFPLKLLYFT NLNYFVLM
```

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

MWLFHDAGIR SAGGLSLLSC GSWPLPSGYH RLQDTNGQOK NVTLLILSSS SIGTKLPSRP 60
REILC 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGGD 60
SLKKHLHAEI KVIQTIQILC GMMVLSLGI LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF120
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN180
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF240
PGVSVLAGFT 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MHTCQIYIYS TNVTFLEFFVL DVRACSYVRY LHKLLHYFFL CNTFLFVYVY QIYSFLKLLK 60
K 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:129:

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

PASNRPKSGR APEPREPARR SAGGSPPPPP WPRVPAAAAG TEGASPD LAP LRPAAPGQTP 60
LRKEVLKSKM GKSEKIALPH GQLVHGIHLY EQPKINRQKS KYNLPLTKIT SAKRNENNFW120
QDSVSSDRIQ KQEKKPFKNT ENIKNSHLKK SAFLTEVSQK ENYAGAKFSD PPSPSVLPKP180
PSHWMGSTVE NSNQNRELMA VHLKTLLKVQ T 211

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

MILTNP LKSK TDTFINRSIC KQSQYALGRL TIFLTCQGV L PSQQTPLI 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWFPDVVN NINASAVGPL LRCLRRNFVL 60
AISINFV FYL QFGRRKVT 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

MDMAKTKFLR RHLSKGPTAD ALMLFTTSGN QVGHDGTITM AGNEFNKNFT FWLKITYWCK 60
KIPNQIKSYC FD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

LNVFSSLQIS ELIFPPLPMW HPLPRKKPGM YRGNGHQNH Y PPPVPFGYPN QGRKNKPYRP 60
IPVTWVPPPG MHCDRNHWIN PHMLAPH 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MYGNILCPTL HTPCTQILYC MNYALSRIQC QGELGEINYF NFFFILYKAM DFIWLMCALY 60
TSHFNRMELL IIFQRVIDMQ KFQ 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 366 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
DPSHAQKPVD SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF120
PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIIILKEYV180
NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE240
WCEALHSFTA ETSDDL SFKR GDRIQILERL DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS300
MLAIVPKGRK AKALYDFRGE NEDELSFKAG DIITELESVD DDWMSGELMG KSGIFPKNYI360
QFLQIS 366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

MNPYISIIIVF IVFLCSENYP WNNMLRITGS SPYLHFLSVL GVLVNSYVLI LFNSEFLTQH 60
FRERIQAG 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

FFFFFFLLLLK FFFNKDKGFN NFCATILN

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

EGTTRKKDKY ILSLENASRQ KY

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

MPFLRKFDRL VRTSDHQISL KWVSWNFIFD NIYTIPNSFA VLRFVG

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

MEGWGMSSIN PYGMHSQWPS HLGLEPLVQG LGENRPHGNS HTVIAFNTEP RVPKQQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

MNISTQGRAK GVPRILLAKG QVLIEGLELS RFMEAACL TG ACPDSSLGFP FYLSSF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

MPKGKAFRRRT LRITSLFFSS LLLLQLLFGH HLLVLVSPQL PGAVFEGEAF SVPPPQALPM 60
MAPSHHPSPA PLPASPPPPA PPPPWRRRGI PLAFGLPRSR RLPQLPQPR 109

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 33-35
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
Siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

Siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
1-36 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 1 und 77 beziehen)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

Nukleinsäurefragmente zum Beispiel zur Herstellung von Volllänge-Genen, um nur einige der zusätzlichen Merkmale aus den weiteren Ansprüchen zu nennen, sind Merkmale, die an sich bekannt sind. Solche Ansprüche könnten daher nur in Verbindung mit neuen und erfinderischen Nukleinsäurefragmenten bzw. Polypeptiden als erfinderisch gelten. Im Hinblick auf das oben gesagte kann daher aber dem Gegenstand der Ansprüche 11-21 und 25-30 ebenfalls keine erfinderische Tätigkeit zuerkannt werden.

Zu Punkt VIII

Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Eine Erfindung sollte normalerweise ein Lösung in Hinblick auf ein Problem zur Verfügung stellen. In der vorliegenden Anmeldung ist die "Erfindung" jedoch nicht offenbart und auch in den Ansprüchen nicht klar definiert, sodaß es dem Leser der Anmeldung obliegt, die Erfindung auszuführen und das Problem, das die hypothetischen Nukleinsäure- und Polypeptidfragmente lösen, zu bestimmen. Die Anmeldung erfüllt daher die Erfordernisse der Artikel 5 und 6 PCT nicht.

wurde spielt für die Natur des Fragmentes keine Rolle. Das Nukleinsäurefragment kodiert für ein biologisch aktives Polypeptid, wobei die biologische Aktivität zum Beispiel die Immunoreaktivität sein kann.

D2: Aminosäuren 15-133 von D2 haben 99,2% Identität mit Aminosäuren 1-118 von SEQ ID No. 77.

D3: Aminosäuren 5-158 von D3 haben 97,4% Identität mit Aminosäuren 143-295 von SEQ ID No. 77.

Der Gegenstand der Ansprüche 5, 6, 11-21 und 25-31 ist neu.

Erfinderische Tätigkeit (Artikel 33(3) PCT)

Selbst wenn angenommen wird, dass Neuheit für den Gegenstand aller Ansprüche vorläge, dann erfüllen Ansprüche 1-32 und 36 der vorliegenden Anmeldung die Erfordernisse von Artikel 33(3) PCT nicht.

Die Ansprüche beziehen sich auf ein aus einer cDNA Genbank isoliertes cDNA Fragment und auf ein Protein, das den günstigsten von diesem Fragment ableitbaren Leserahmen besitzt. Es gibt in der Anmeldung keinerlei Hinweise auf eine Expression dieses Proteins oder auf dessen biologische Funktion. Was das cDNA Fragment betrifft, so ist beispielsweise keinerlei Zusammenhang gezeigt, ob dessen Unterrepräsentation in Brusttumorgewebe tatsächlich ein Indikator für Brustkrebs sein könnte. Die Anmeldung beschreibt also lediglich transkribierte, bzw. translatierte Sequenzen ohne jegliche bekannte nützliche technische Eigenschaft.

In diesem Fall kann jede Verbindung des Standes der Technik unabhängig von ihren technischen Eigenschaften als Ausgangspunkt für strukturelle Modifikationen als nächster Stand der Technik herangezogen werden. Das von der Anmeldung zu lösende Problem ist dann als die Bereitstellung weiterer Verbindungen zu formulieren. Aus der Vielzahl der Lösungsmöglichkeiten für dieses Problem sind in der Anmeldung einige herausgegriffen, nämlich SEQ ID No. 1, bzw 77 und Varianten davon. Diese Auswahl ist jedoch willkürlich, da sie auf keinem technischem Effekt beruht, der mit den strukturellen Modifikationen einhergeht. Einer solchen Auswahl kann jedoch keine erfinderische Tätigkeit zuerkannt werden. Der Gegenstand der Ansprüche 1-10, 22-24, 31, 32 und 36 erfüllt daher die Voraussetzungen des Artikels 33(3) PCT nicht.

Das Einsetzen der Nukleinsäurefragmente in Expressionskassetten, Wirtszellen, von dem kodierten Polypeptide abgeleitete Antikörper, Verwendung der

Zu Punkt I

Grundlage des Berichts

Zu der Anmeldung gehört ein Sequenz-Protokoll, das die Seiten 108-243 der Beschreibung (SEQ ID Nos. 1-209) umfaßt.

Zu Punkt V

Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung

Die folgende Prüfung bezieht sich auf Ansprüche 1-32 und 36 soweit sie SEQ ID Nos. 1 and 77 betreffen.

Neuheit (Artikel 33(2) PCT)

Anspruch 1 betrifft Nukleinsäurefragmente, die ein Genprodukt oder einen Teil davon kodieren. Der Anspruch wird daher so verstanden, dass er sich auf die gesamte in SEQ ID No. 1 enthaltene Sequenz bezieht, aber auch auf Teile davon. Das gilt auch für die Proteinansprüche 22-24. Ansprüche 1-3, 7-10, 22-24, 32 und 36 sind daher neuheitsschädlich getroffen von D1 = Marra, M. et al.: 'WashU-HHMI Mouse EST Project': vv29e04.r1 Stratagene mouse heart; Mus musculus cDNA clone 1223838 5' EMBL DATABASE ENTRY AA667452; ACCESSION NUMBER AA667452, 20. November 1997, D2 = Marra, M. et al.: 'The WashU-HHMI Mouse EST Project': ms06e09.r1 Stratagene mouse skin; Mus musculus cDNA clone 606184 5' EMBL DATABASE ENTRY MAA145515; ACCESSION NUMBER AA145515, 14. Dezember 1996, D3 = Marra, M. et al.: 'The WashU-HHMI Mouse EST Project': vq19c08.r1 Barstead stromal cell line MPLRB8; Mus musculus cDNA clone 1094702 5' EMBL DATABASE ENTRY AA869913; ACCESSION NUMBER AA869913, 17. März 1998 (Artikel 33(2) PCT).

D1, D2 und D3 sind ESTs, die die folgenden Teile von SEQ ID Nos. 1 oder 77 überdecken:

D1: Aminosäuren 1-191 von D1 haben 96,3% Identität mit Aminosäuren 104 bis 295 von SEQ ID No. 77. Basenpaar 1-574 haben 86,8% Identität mit Basenpaaren 308 bis 882 von SEQ ID No. 1. Das zitierte Nukleinsäurefragment D1 kodiert für einen Teil von SEQ ID No. 1 und beschreibt indirekt auch ein komplementäres, bzw. hybridisierendes Fragment. Die Tatsache, dass es aus Herzgewebe und nicht aus Brustgewebe isoliert

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/00909

- ☐ Die gesamte internationale Anmeldung, bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. beziehen sich auf den nachstehenden Gegenstand, für den keine internationale vorläufige Prüfung durchgeführt werden braucht (*genaue Angaben*):
- ☐ Die Beschreibung, die Ansprüche oder die Zeichnungen (*machen Sie hierzu nachstehend genaue Angaben*) oder die obengenannten Ansprüche Nr. sind so unklar, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte (*genaue Angaben*):
- ☐ Die Ansprüche bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. sind so unzureichend durch die Beschreibung gestützt, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte.
- ☒ Für die obengenannten Ansprüche Nr. 1-32(partially), 33-35, 36(partially), 37 wurde kein internationaler Recherchenbericht erstellt.

V. Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung

1. Feststellung

| | | |
|--------------------------------|-----------------|--------------------------|
| Neuheit (N) | Ja: Ansprüche | 5, 6, 11-21, 25-31 |
| | Nein: Ansprüche | 1-3, 7-10, 22-24, 32, 36 |
| Erfinderische Tätigkeit (ET) | Ja: Ansprüche | |
| | Nein: Ansprüche | 1-32, 36 |
| Gewerbliche Anwendbarkeit (GA) | Ja: Ansprüche | 1-32, 36 |
| | Nein: Ansprüche | |

2. Unterlagen und Erklärungen

siehe Beiblatt

VIII. Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Zur Klarheit der Patentansprüche, der Beschreibung und der Zeichnungen oder zu der Frage, ob die Ansprüche in vollem Umfang durch die Beschreibung gestützt werden, ist folgendes zu bemerken:

siehe Beiblatt

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/00909

I. Grundlage des Berichts

1. Dieser Bericht wurde erstellt auf der Grundlage (*Ersatzblätter, die dem Anmeldeamt auf eine Aufforderung nach Artikel 14 hin vorgelegt wurden, gelten im Rahmen dieses Berichts als "ursprünglich eingereicht" und sind ihm nicht beigelegt, weil sie keine Änderungen enthalten.*):

Beschreibung, Seiten:

1-243 ursprüngliche Fassung

Patentansprüche, Nr.:

1-37 ursprüngliche Fassung

Zeichnungen, Blätter:

1/10-10/10 ursprüngliche Fassung

2. Aufgrund der Änderungen sind folgende Unterlagen fortgefallen:

- ☐ Beschreibung, Seiten:
- ☐ Ansprüche, Nr.:
- ☐ Zeichnungen, Blatt:

3. ☐ Dieser Bericht ist ohne Berücksichtigung (von einigen) der Änderungen erstellt worden, da diese aus den angegebenen Gründen nach Auffassung der Behörde über den Offenbarungsgehalt in der ursprünglich eingereichten Fassung hinausgehen (Regel 70.2(c)):

4. Etwaige zusätzliche Bemerkungen:

III. Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit

Folgende Teile der Anmeldung wurden nicht daraufhin geprüft, ob die beanspruchte Erfindung als neu, auf erfinderischer Tätigkeit beruhend (nicht offensichtlich) und gewerblich anwendbar anzusehen ist:

- ☐ die gesamte internationale Anmeldung.
- ☒ Ansprüche Nr. 1-32 (partially), 33-35, 36 (partially), 37.

Begründung:

VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS

PCT

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

(Artikel 36 und Regel 70 PCT)



| | | |
|--|---|--|
| Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts 51572AWOM1XX24-P | WEITERES VORGEHEN siehe Mitteilung über die Übersendung des internationalen vorläufigen Prüfungsbericht (Formblatt PCT/IPEA/416) | |
| Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/00909 | Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 19/03/1999 | Prioritätsdatum (Tag/Monat/Jahr) 20/03/1998 |
| Internationale Patentklassifikation (IPK) oder nationale Klassifikation und IPK C12N15/00 | | |
| Anmelder GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH.et.al. | | |

- Dieser internationale vorläufige Prüfungsbericht wurde von der mit der internationale vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 36 übermittelt.
- Dieser BERICHT umfaßt insgesamt 6 Blätter einschließlich dieses Deckblatts.

☐ Außerdem liegen dem Bericht ANLAGEN bei; dabei handelt es sich um Blätter mit Beschreibungen, Ansprüchen und/oder Zeichnungen, die geändert wurden und diesem Bericht zugrunde liegen, und/oder Blätter mit vor dieser Behörde vorgenommenen Berichtigungen (siehe Regel 70.16 und Abschnitt 607 der Verwaltungsrichtlinien zum PCT).

 Diese Anlagen umfassen insgesamt Blätter.

- Dieser Bericht enthält Angaben zu folgenden Punkten:
 - I ☒ Grundlage des Berichts
 - II ☐ Priorität
 - III ☒ Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit
 - IV ☐ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung
 - V ☒ Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderische Tätigkeit und der gewerbliche Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung
 - VI ☐ Bestimmte angeführte Unterlagen
 - VII ☐ Bestimmte Mängel der internationalen Anmeldung
 - VIII ☒ Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

| | |
|--|--|
| Datum der Einreichung des Antrags 08/10/1999 | Datum der Fertigstellung dieses Berichts 26.07.2000 |
| Name und Postanschrift der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde  Europäisches Patentamt D-80298 München Tel. +49 89 2399 - 0 Tx: 523656 epmu d Fax +49 89 2399 - 4465 | Bevollmächtigter Bediensteter Alt, G Tel. Nr. +49 89 2399 8545  |

**VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT
AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS**

PCT

09/646569

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

(Artikel 18 sowie Regeln 43 und 44 PCT)

| | |
|--|---|
| Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts 51572AWOM1XX24-P | WEITERES VORGEHEN siehe Mitteilung über die Übermittlung des internationalen Recherchenberichts (Formblatt PCT/ISA/220) sowie, soweit zutreffend, nachstehender Punkt 5 |
| Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/ 00909 | Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 19/03/1999 |
| (Frühestes) Prioritätsdatum (Tag/Monat/Jahr) 20/03/1998 | |
| Anmelder GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH.et.al. | |

Dieser internationale Recherchenbericht wurde von der Internationalen Recherchenbehörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 18 übermittelt. Eine Kopie wird dem Internationalen Büro übermittelt.

Dieser internationale Recherchenbericht umfaßt insgesamt 15 Blätter.

☒ Darüber hinaus liegt ihm jeweils eine Kopie der in diesem Bericht genannten Unterlagen zum Stand der Technik bei.

1. Grundlage des Berichts

a. Hinsichtlich der **Sprache** ist die internationale Recherche auf der Grundlage der internationalen Anmeldung in der Sprache durchgeführt worden, in der sie eingereicht wurde, sofern unter diesem Punkt nichts anderes angegeben ist.

☐ Die internationale Recherche ist auf der Grundlage einer bei der Behörde eingereichten Übersetzung der internationalen Anmeldung (Regel 23.1 b)) durchgeführt worden.

b. Hinsichtlich der in der internationalen Anmeldung offenbarten **Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenz** ist die internationale Recherche auf der Grundlage des Sequenzprotokolls durchgeführt worden, das

☒ in der internationalen Anmeldung in schriftlicher Form enthalten ist.

☒ zusammen mit der internationalen Anmeldung in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in schriftlicher Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☒ Die Erklärung, daß das nachträglich eingereichte schriftliche Sequenzprotokoll nicht über den Offenbarungsgehalt der internationalen Anmeldung im Anmeldezeitpunkt hinausgeht, wurde vorgelegt.

☒ Die Erklärung, daß die in computerlesbarer Form erfaßten Informationen dem schriftlichen Sequenzprotokoll entsprechen, wurde vorgelegt.

2. ☒ Bestimmte Ansprüche haben sich als nicht recherchierbar erwiesen (siehe Feld I).

3. ☒ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung (siehe Feld II).

4. Hinsichtlich der Bezeichnung der Erfindung

☐ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☒ wurde der Wortlaut von der Behörde wie folgt festgesetzt:

**MENCLICHE NUKLEINSAEUREFRAGMENTE, DEREN EXPRESSION IN BRUSTNORMALGEWEBE
ERHOEHT IST**

5. Hinsichtlich der Zusammenfassung

☒ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☐ wurde der Wortlaut nach Regel 38.2b) in der in Feld III angegebenen Fassung von der Behörde festgesetzt. Der Anmelder kann der Behörde innerhalb eines Monats nach dem Datum der Absendung dieses internationalen Recherchenberichts eine Stellungnahme vorlegen.

6. Folgende Abbildung der **Zeichnungen** ist mit der Zusammenfassung zu veröffentlichen: Abb. Nr. _____

☐ wie vom Anmelder vorgeschlagen

☐ weil der Anmelder selbst keine Abbildung vorgeschlagen hat.

☐ weil diese Abbildung die Erfindung besser kennzeichnet.

☒ keine der Abb.

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

| Kategorie ^o | Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile | Betr. Anspruch Nr. |
|------------------------|--|--------------------|
| A | SCHULER, G.D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH, Bd. 7, 1997, Seiten 541-550, XP002127628 in der Anmeldung erwähnt --- | 1 |
| T | SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 27, Nr. 21, 1. November 1999 (1999-11-01), Seiten 4251-4260, XP002126641 ----- | 1 |

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

| Kategorie° | Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile | Betr. Anspruch Nr. |
|------------|---|----------------------------------|
| X | Marra, M. et al.: "WashU-HHMI Mouse EST Project":vv29e04.r1 Stratagene mouse heart; Mus musculus cDNA clone 1223838 5' EMBL DATABASE ENTRY AA667452; ACCESSION NUMBER AA667452, 20. November 1997 XP002128961 das gesamte Dokument --- | 1-3, 7-10, 22-24, 32,36 |
| X | Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project":ms06e09.r1 Stratagene mouse skin; Mus musculus cDNA clone 606184 5' EMBL DATABASE ENTRY MAA145515; ACCESSION NUMBER AA145515, 14. Dezember 1996 XP002128962 das gesamte Dokument --- | 1-3, 7-10, 22-24, 32,36 |
| X | Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project":vq19c08.r1 Barstead stromal cell line MPLRB8; Mus musculus cDNA clone 1094702 5' EMBL DATABASE ENTRY AA869913; ACCESSION NUMBER AA869913, 17. März 1998 XP002128963 das gesamte Dokument --- | 1-3, 7-10, 22-24, 32,36 |
| X | Hillier, L. et al.: "WasU-NCI human EST Project":ab01h08.r1 Stratagene fetal retina 937202; Homo sapiens cDNA clone 839583 5' EMBL DATABASE ENTRY HS1289285; ACCESSION NUMBER AA489946, 02. Juli 1997 XP002128964 das gesamte Dokument --- | 1-3, 5-10, 22-24, 32,36 |
| T | NISHIKIMI, A. ET AL.: "A novel mammalian nuclear protein similar to Schizosaccharomyces pombe Prp1/ Zerlp and Saccharomyces cerevisiae Prp6p pre-mRNA splicing factors" BIOCHIMICA BIOPHYSICA ACTA, Bd. 1435, 1999, Seiten 147-152, XP000872047 | |
| P,X | & Nishikimi et al. EMBL DATABASE ENTRY AB019219; ACCESSION NUMBER AB019219; 11. Januar 1999 das gesamte Dokument --- | 1-3, 5-10, 22-24, 32,36 |
| A | BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 23, 1995, Seiten 4992-4994, XP002127627 in der Anmeldung erwähnt --- | 1 |

-/--

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10
 C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
 G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

| Kategorie ^o | Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile | Betr. Anspruch Nr. |
|------------------------|---|--------------------|
| A | HUANG, R.-P. ET AL.: "Decreased Egr-1 expression in human, mouse and rat mamary cells and tissues correlates with tumour formation" INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, Bd. 72, 1997, Seiten 102-109, XP002128955 das gesamte Dokument --- | 1 |
| A | BRENNER, A.J. ET AL.: "Preferential loss of expression of p16INK4a rather than p19ARF in breast cancer" CLINICAL CANCER RESEARCH, Bd. 2, 1996, Seiten 1993-1998, XP002128956 Seite 1996, Zeilen 5-14 --- -/- | 1 |



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

^o Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

E älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

L Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

O Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

P Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

Z Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

27. Januar 2000

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

14. 04. 00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
 NL - 2280 HV Rijswijk
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
 Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Alt, G

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE99/00909

51. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 165 and 187 and 188)
52. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 166 and 189)
53. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 167 and 190 and 191)
54. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 168 and 192)
55. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 169 and 193 and 194)
56. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 170 and 195 and 196)
57. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 171 and 197 and 198)
58. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 172 and 199)
59. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 173 and 200)
60. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 174 and 201)
61. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 175 and 202 and 203)
62. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 176 and 204 and 205)
63. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 177 and 206 and 207)
64. 4. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 178 and 208 and 209)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE99/00909

26. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 45 and 119)
27. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 48 and 122)
28. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 50 and 124 and 1-25)
29. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 51 and 129)
30. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 53 and 128)
31. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 54 and 129)
32. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 57 and 131)
33. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 58 and 132 and 1 and 33)
34. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 59 and 135)
35. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 60 and 137)
36. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 61 and 138)
37. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 62 and 139-141)
38. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 63 and 142-145)
39. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 64 and 146)
40. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 65 and 147)
41. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 68 and 148)
42. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 69 and 149 and 1-50)
43. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 71 and 151)
44. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 72 and 152-156)
45. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 74 and 157)
46. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 76 and 158-160)
47. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 161 and 179-181)
48. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 162 and 182-183)
49. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 163 and 184)
50. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 164 and 185-186)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No

PCT/DE99/00909

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

1. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 1 and 77)
2. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 2 and 78-80)
3. Claims Nos. 1-37 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 3 and 82)
4. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 4 and 83)
5. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 5 and 84)
6. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 10 and 85)
7. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 11 and 87)
8. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 12 and 88)
9. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 13 and 89)
10. Claims Nos. 1-3 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 14 and 19)
11. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 15 and 91)
12. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 18 and 92)
13. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 19 and 93)
14. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 21 and 95)
15. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 22 and 96)
16. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 23 and 97)
17. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 24 and 98 and 99)
18. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 25 and 100-103)
19. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 28 and 104)
20. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 35 and 105-107)
21. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 31 and 108)
22. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 34 and 112)
23. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 37 and 113)
24. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 42 and 114)
25. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 43 and 115-117)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE99/00909

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

Continuation of Box I.2

Claims Nos. 33-35

Claims Nos. 33-35 relate to a disproportionately large number of possible products and the uses thereof that are neither supported by the description according to the terms of PCT Article 6 nor able to be considered disclosed under the terms of PCT Article 5. In the present case, the patent claims lack the appropriate support and the patent application lacks the required disclosure to such an extent that a meaningful search encompassing the entire scope of protection sought seems impossible. No search was therefore carried out for said products and the use thereof.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE99/00909

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 33-35
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

See supplemental sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.

2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.

3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 1 and 77)

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/00909

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

| Category | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages | Relevant to claim No. |
|----------|---|-----------------------|
| A | SCHULER, G.D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH, vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 cited in the application --- | 1 |
| T | SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 27, no. 21, 1 November 1999 (1999-11-01), pages 4251-4260, XP002126641 ----- | 1 |

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/00909

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

| Category ° | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages | Relevant to claim No |
|------------|---|----------------------------------|
| X | Marra, M. et al.: "WashU-HHMI Mouse EST Project":vv29e04.r1 Stratagene mouse heart; Mus musculus cDNA clone 1223838 5' EMBL DATABASE ENTRY AA667452; ACCESSION NUMBER AA667452, 20. November 1997 XP002128961 the whole document --- | 1-3, 7-10, 22-24, 32,36 |
| X | Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project":ms06e09.r1 Stratagene mouse skin; Mus musculus cDNA clone 606184 5' EMBL DATABASE ENTRY MMAA145515; ACCESSION NUMBER AA145515, 14. Dezember 1996 XP002128962 the whole document --- | 1-3, 7-10, 22-24, 32,36 |
| X | Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project":vq19c08.r1 Barstead stromal cell line MPLRB8; Mus musculus cDNA clone 1094702 5' EMBL DATABASE ENTRY AA869913; ACCESSION NUMBER AA869913, 17. März 1998 XP002128963 the whole document --- | 1-3, 7-10, 22-24, 32,36 |
| X | Hillier, L. et al.: "WasU-NCI human EST Project":ab01h08.r1 Stratagene fetal retina 937202; Homo sapiens cDNA clone 839583 5' EMBL DATABASE ENTRY HS1289285; ACCESSION NUMBER AA489946, 02. Juli 1997 XP002128964 the whole document --- | 1-3, 5-10, 22-24, 32,36 |
| T | NISHIKIMI, A. ET AL.: "A novel mammalian nuclear protein similar to Schizosaccharomyces pombe Prp1/ Zer1p and Saccharomyces cerevisiae Prp6p pre-mRNA splicing factors" BIOCHIMICA BIOPHYSICA ACTA, vol. 1435, 1999, pages 147-152, XP000872047 | |
| P,X | & Nishikimi et al. EMBL DATABASE ENTRY AB019219; ACCESSION NUMBER AB019219; 11. Januar 1999 the whole document --- | 1-3, 5-10, 22-24, 32,36 |
| A | BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 23, 1995, pages 4992-4994, XP002127627 cited in the application --- | 1 |

-/--

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No

PCT/DE 99/00909

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

| | | | | | |
|-------|-----------|-----------|-----------|-----------|----------|
| IPC 6 | C12N15/12 | C07K14/47 | C07K16/18 | C12N1/21 | C12N5/10 |
| | C12N15/10 | C12N15/62 | C12N15/70 | C12N15/79 | C12Q1/68 |
| | G01N33/68 | A61K38/17 | A61K48/00 | | |

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

| Category * | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages | Relevant to claim No. |
|------------|--|-----------------------|
| A | HUANG, R.-P. ET AL.: "Decreased Egr-1 expression in human, mouse and rat mamary cells and tissues correlates with tumour formation" INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, vol. 72, 1997, pages 102-109, XP002128955 the whole document | 1 |
| A | BRENNER, A.J. ET AL.: "Preferential loss of expression of p16INK4a rather than p19ARF in breast cancer" CLINICAL CANCER RESEARCH, vol. 2, 1996, pages 1993-1998, XP002128956 page 1996, lines 5-14 | 1 |

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☐ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *Z* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

27 January 2000

Date of mailing of the international search report

14. 04. 00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Alt, G



.

.

.

.

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5



9/10

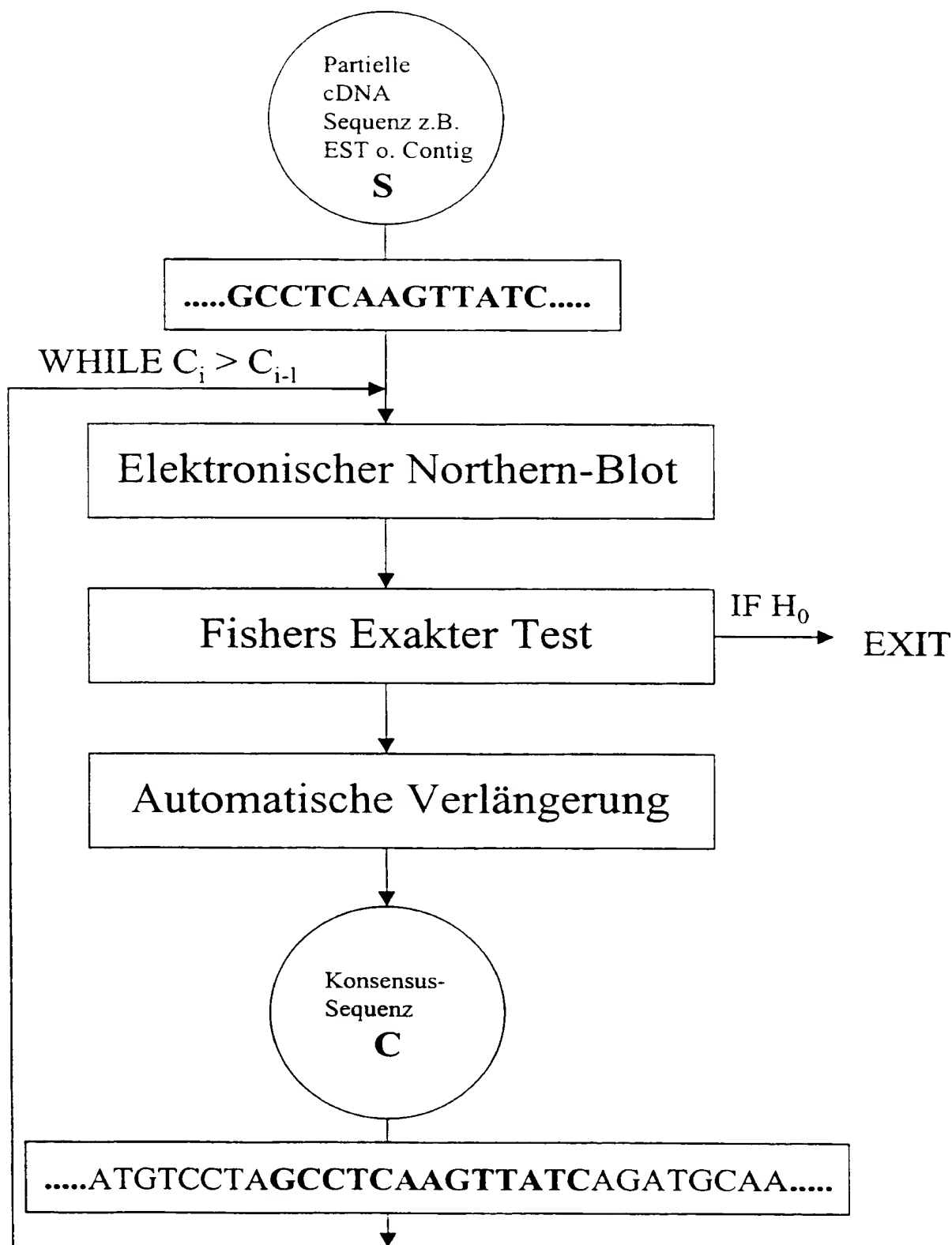


Fig. 4b



8/10

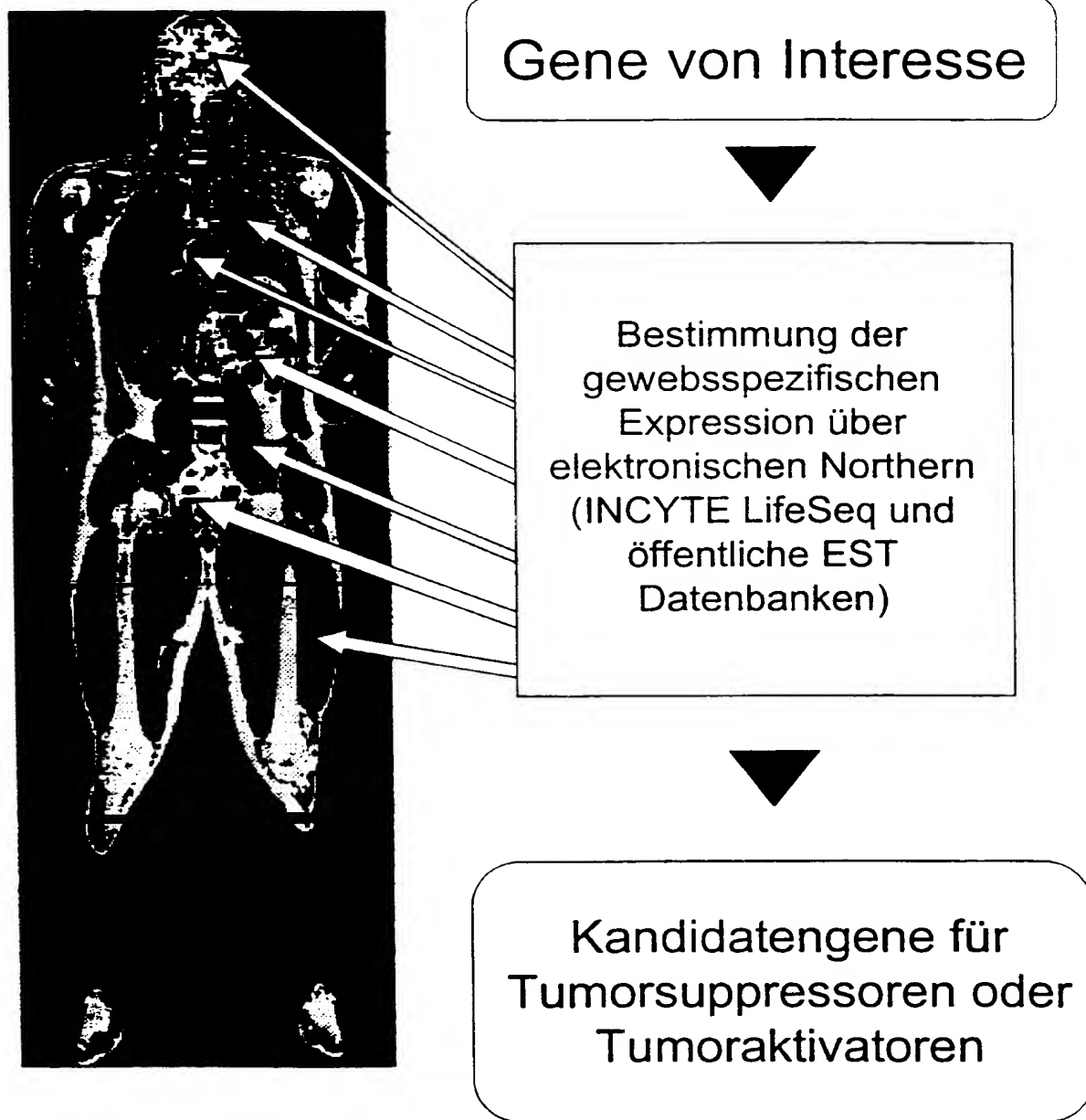


Fig. 4a



7/10

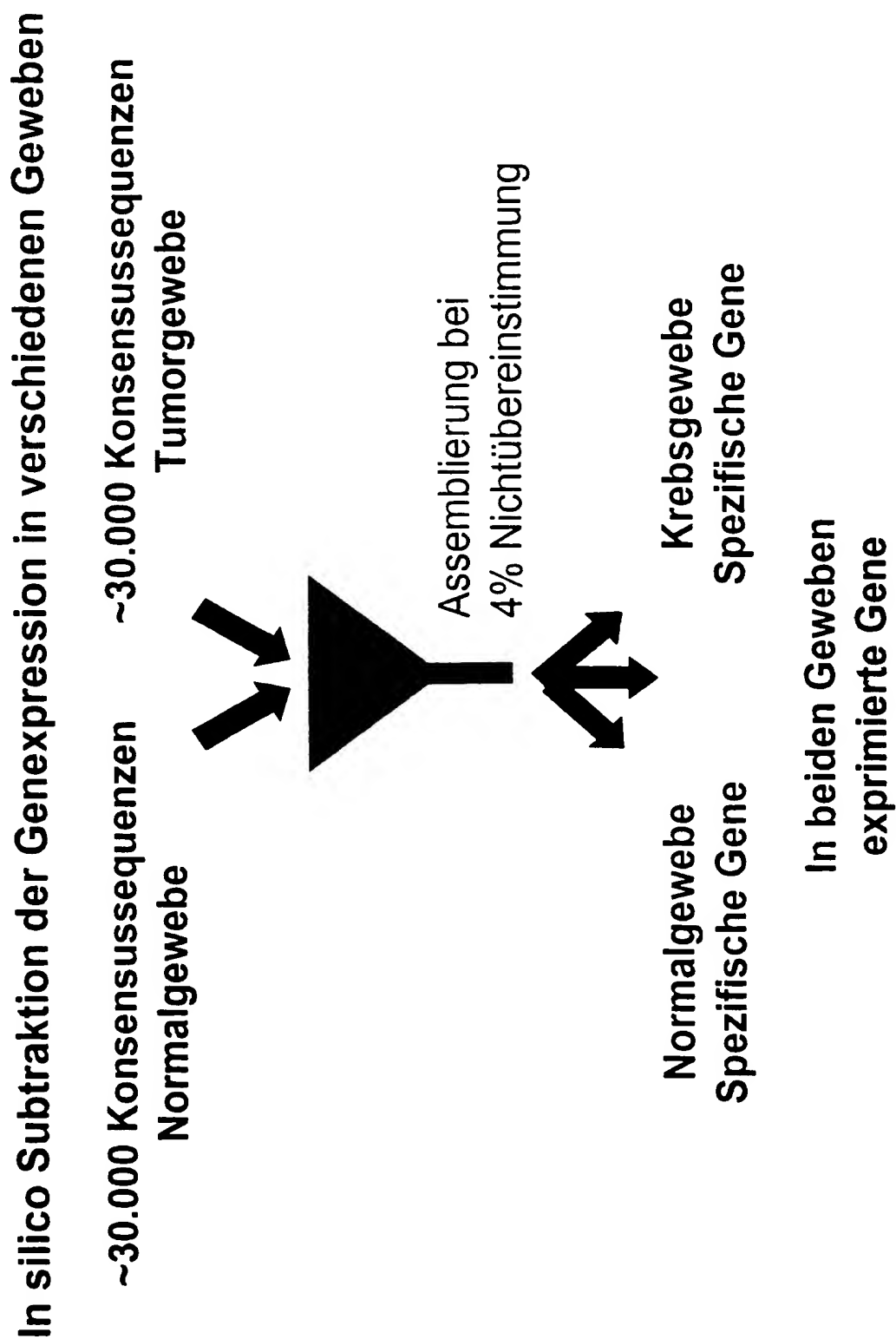


Fig. 3



6/10

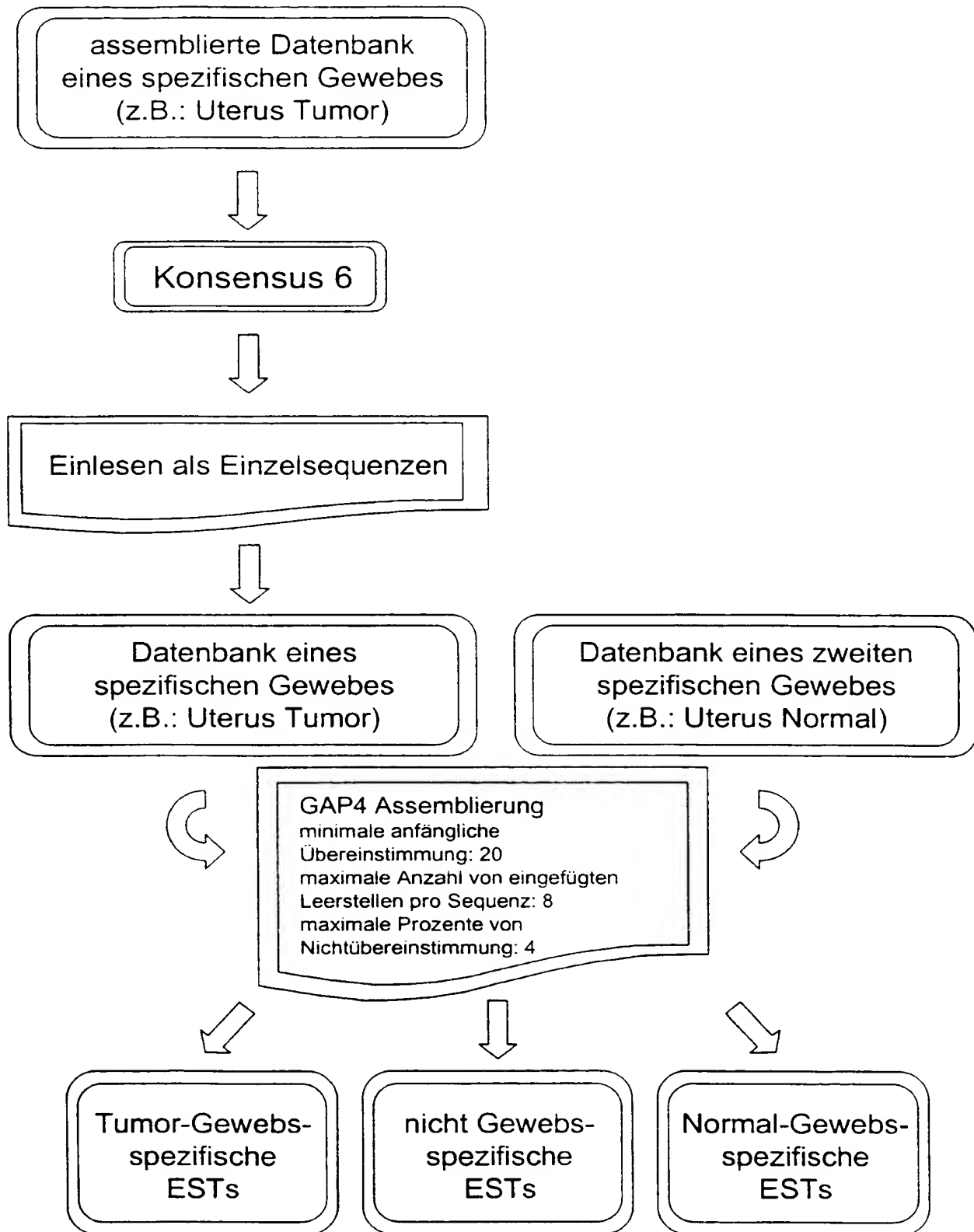


Fig. 2b4



5/10

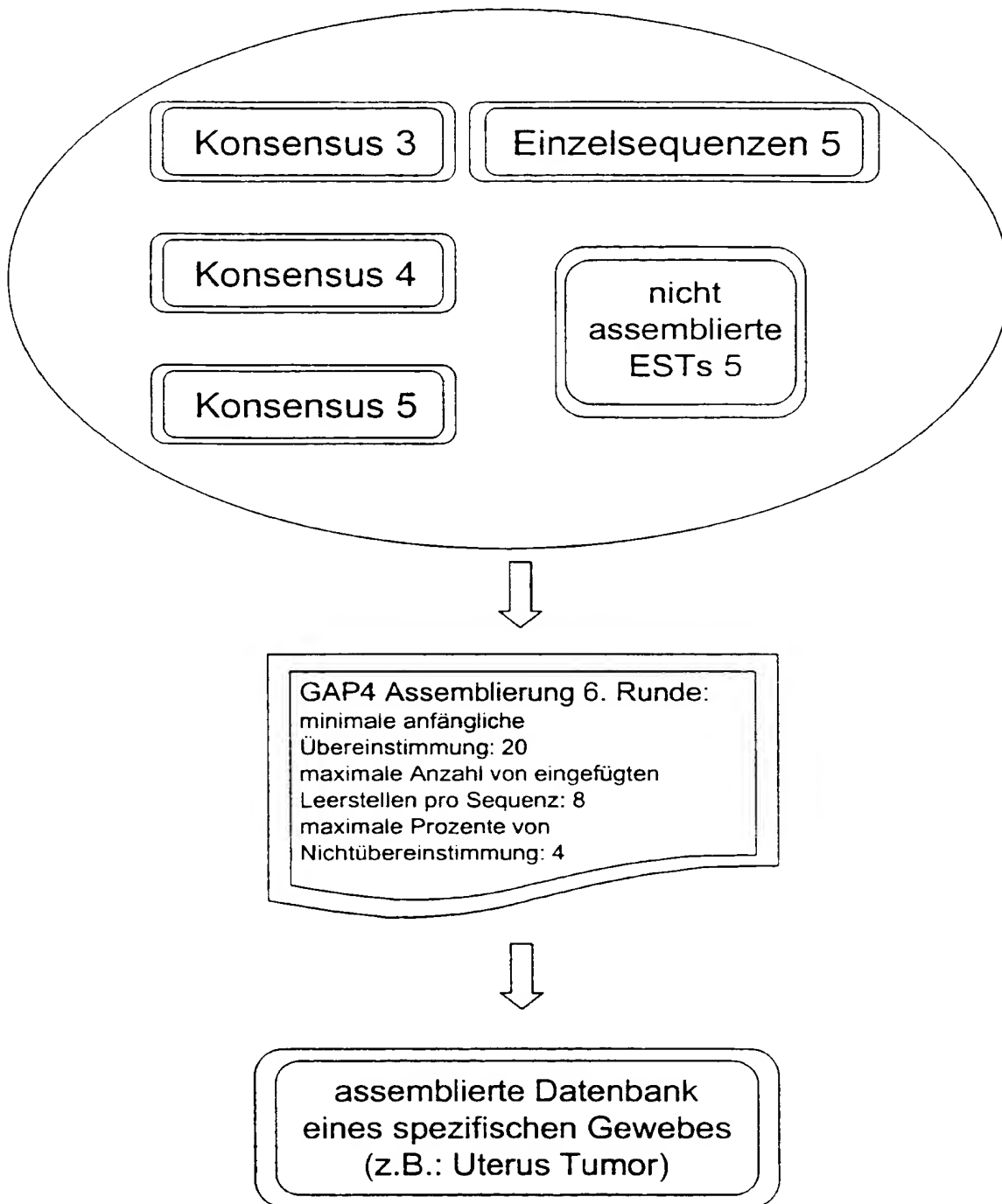


Fig. 2b3

4/10

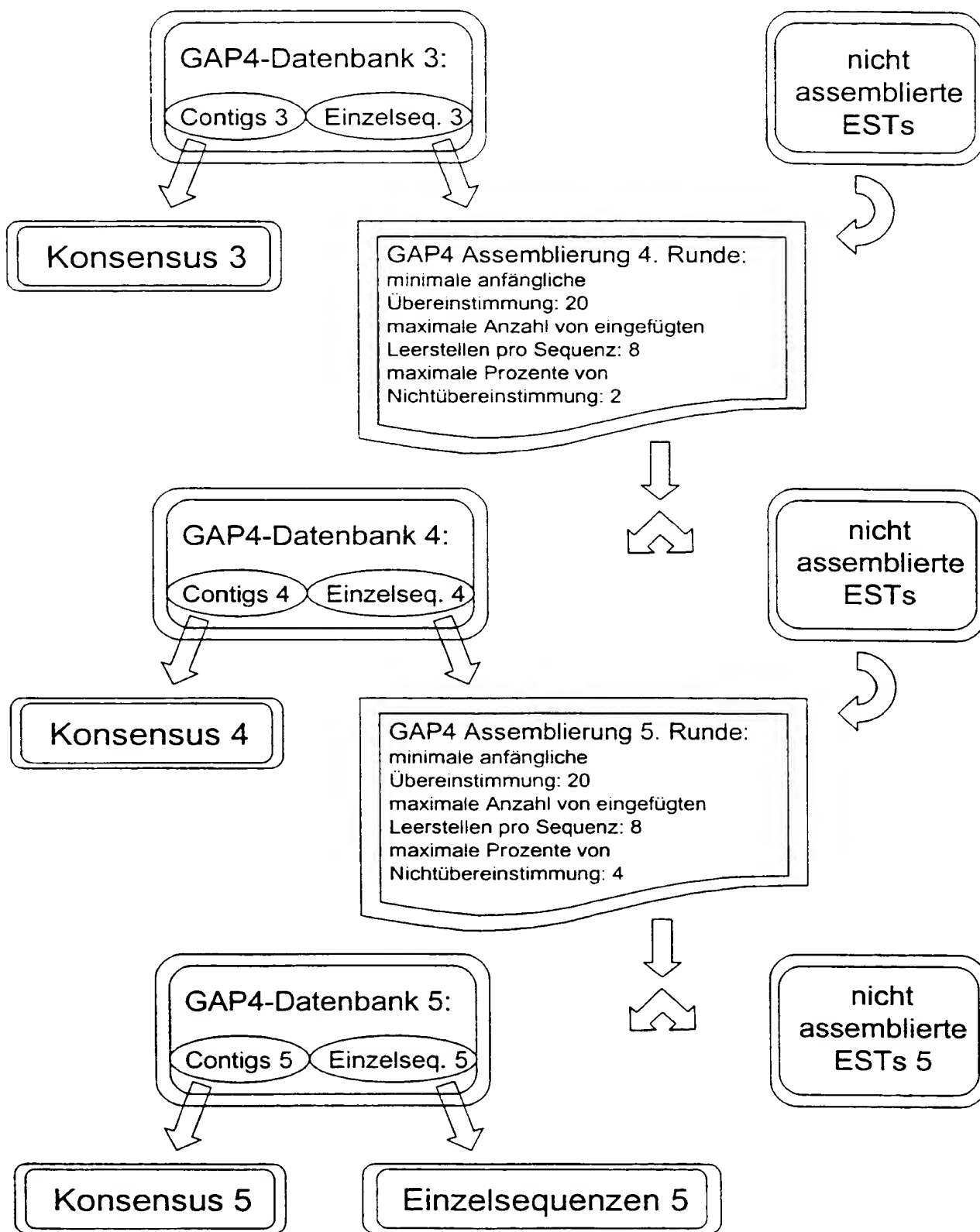


Fig. 2b2

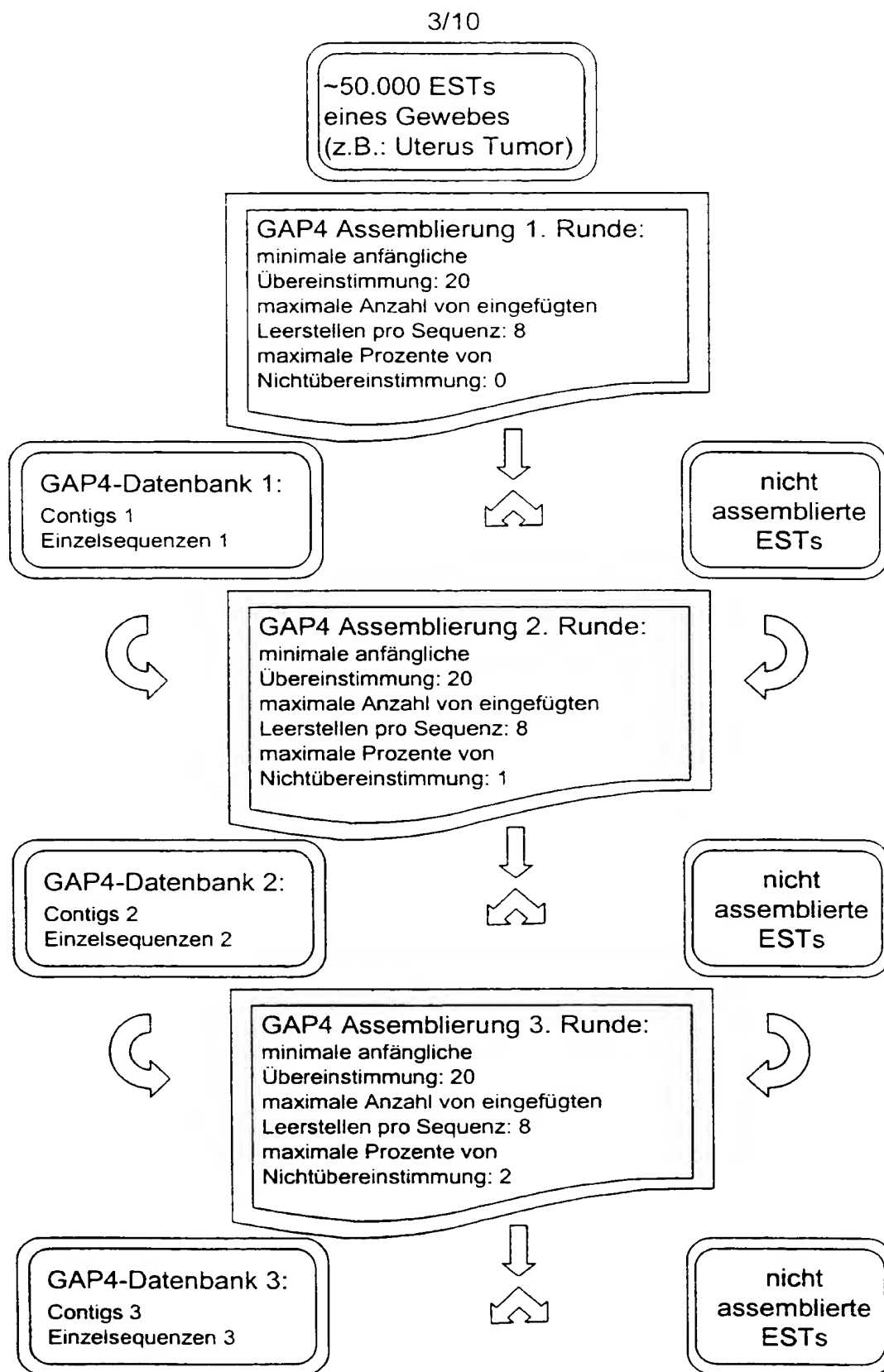


Fig. 2b1



2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

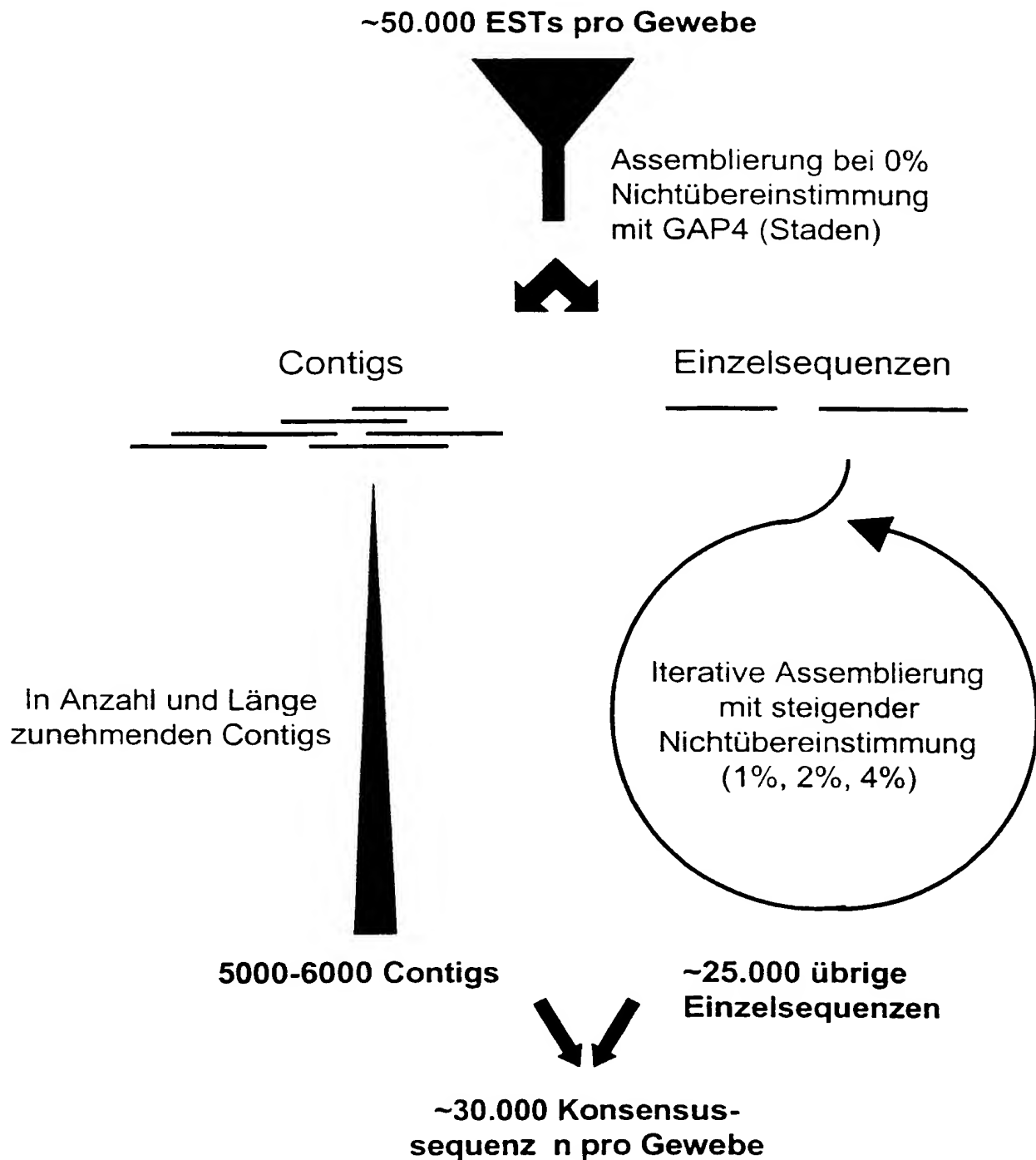


Fig. 2a

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

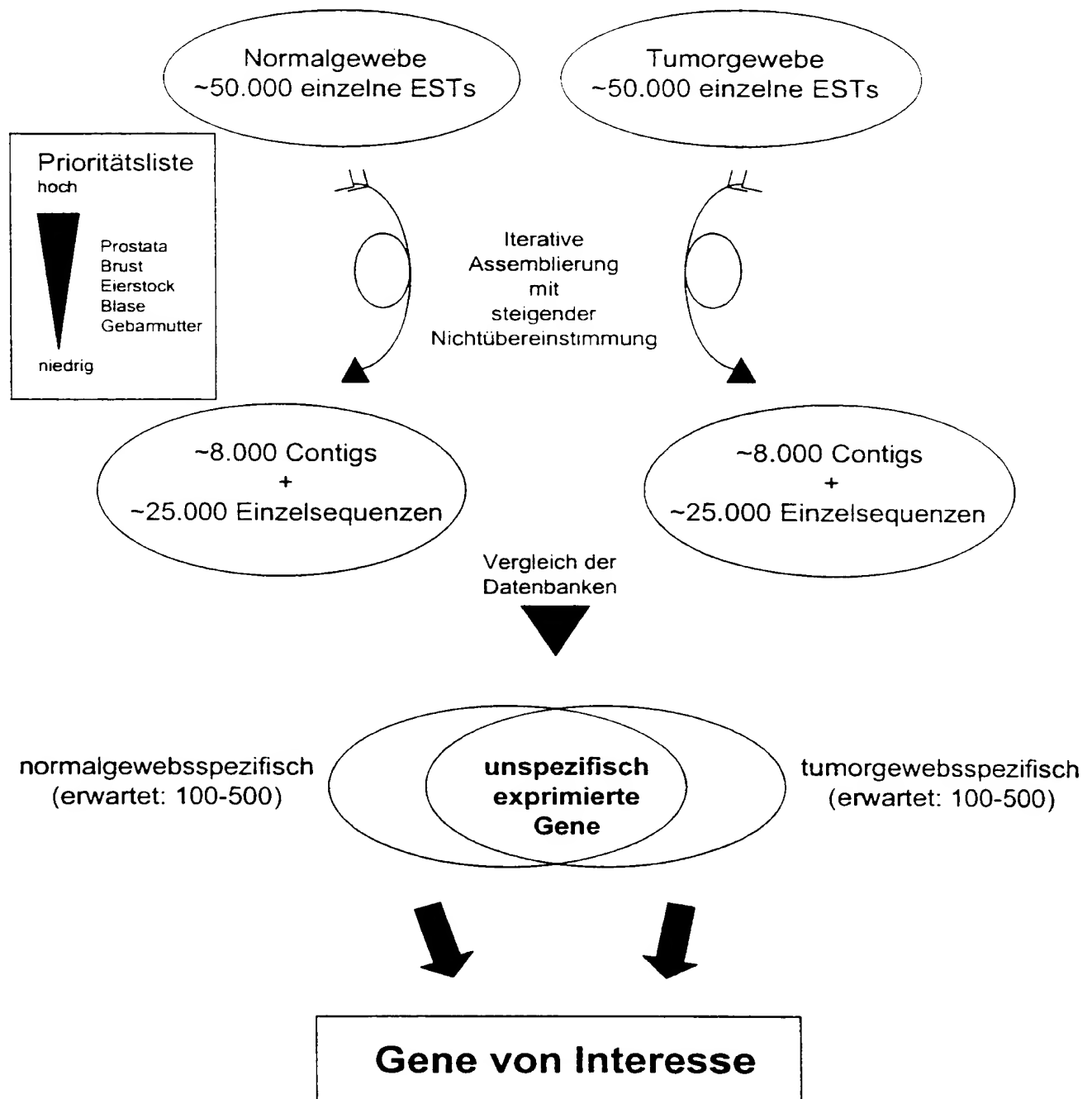


Fig. 1

37. Die Nukleinsäuresequenzen Seq. ID No.: 3, 37, 45 dadurch gekennzeichnet, daß sie mit dem Fettstoffwechsel assoziiert sind und zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels verwendet werden können.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209.
31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, zur Verwendung als

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 466 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

| | | | | | | |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
| PQRAAPPPHP | GPQRPPAWRA | VAFPRGWLTP | GCWGWAAAPA | AVAVLLAPVD | GGALGQQVQV | 60 |
| GVAVVHDHAV | PVEVVLPLHR | GLLHSLQDVL | HDGLQHLLLV | RVFHQDEPGK | VLEDQLLEPG | 120 |
| QLRLAGRGQL | LEQERDADLQ | QRLPEEPLPH | RAAVVVVFLQ | HPLQDPLDGL | AQLLLGGPLP | 180 |
| QLLVQEGLER | IHGIVHLLPH | VDLGSLLEHG | RAGHIKSLQ | PVQSQRHLHL | IAALHLQGVV | 240 |
| RQPGQLLHVL | AQLVNAALVD | DVQVHVRDLL | EEDISHLSEA | LAGGDHQGLQ | DGWDVGLDMV | 300 |
| PHAHLCLGED | EGSDLAGKVL | LGGDNLVHVS | SDDGLHGRHL | LLHLGQHLL | ARLGLLVHHV | 360 |
| VHGVRDLPL | PLPLLRFPQ | PRAELCLQLR | AQLLHHQVAQ | DLHLVPTQHL | PGAVQLLGLS | 420 |
| VHADGICERR | ALYLGVLKDS | IVAVPDAVLQ | HSLPLVLLGF | CHHAEV | | 466 |

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

LCGAAASCMM LGS LAPDPGS RRHSGQAALR PRRYPTLWDR CRKRWL RPIF TQLLA AVWLT 60
TRSSPFPVSR FLQH QANTYT SAL 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 581 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

YFCMMTEAEQ DKWQAVLQDC IRHCNNGIPE DSKVEGPAFT DAIRMYRQSK ELYGTWEMLC 60
GNEVQILSNL VMEELGPELK AELGPRLK GK PQERQRQW IQ ISDAVYH MVY EQAKARFEEV 120
LSKVQQVQPA MQAVIRTDMD QIITSKEHLA SKIRAFILPK AEVCVRNHVQ PYIPSILEAL 180
MVPTSQGFTE VRDVFFKEVT DMNLNVINEG GIDKLGEYME KLSRLAYHPL KMQSCYEKME 240
SLRLDGLQQR FDSSTS VFK QRAQIHMREQ MDNAVYTFET LLHQELGKGP TKEELCKSIQ 300
RVLERVLK KY DYDSSSVRKR FFREALLOIS IPFLLKKLAP TCKSELPRFQ ELIFEDFARF 360
ILVENTYEEV VLQTVMKDIL QAVKEAAVQR KHNLYRDSMV MHNSDPNLHL LAEGAPIDWG 420
EEYSNSGGGG SPAPAPRSQP PSRKSDGAPS RWSLWSRMRR WGCPLRLALS HHHLRPRTVS 480
LRSEACWPKV CGLRAPHQPA PCSTGPPLGR VPSLRPPPRP PRRLPHPS SI SCLERLWTLG 540
PPSPATRRLE SRCPAPAATP PSTPPPRTVQ GCRLSSRPVG P 581

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

```
TSLEKLVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS 60
RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIILKEYV NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS 120
GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE WCEALHSFTA ETSDDLSEFKR GDRIQILERL 180
DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS MLAIVPKGQE GQSLI 225
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

```
CIGFSSGFDK VKRIVTRVTQ TCQLSESLVV KPELGKLSLR RLKERAQVGI CVITVLLPRH 60
GVDNKIPLQS TGVSVRLVLQ KAAHWEWGGA CGKPDCGEKL GENGS 105
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 203

```
HKKNFWQIFI QIACLQWQIS QHFSLFCLCL SLCIFLERKL NAFNVLIITL LKLDPNMLNI 60
SSCKGRRGRE EQQGGEEN TSGERTSNLQ EAY 93
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 204

```
RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQ TENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
DP SHAQKPVD SGAPHAVVLH DFP AEQVDDL NLTSGEIGLS SGEDRYRLVQ REL 113
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201

```
ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGQD 60
SLKKHLHAEI KVIQTIQILC GMMVLSLGI LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF 120
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN 180
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF 240
PGVSVLAGFT 250
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202

```
EKTPGFWEWL TAESHRPRQQ QRQQOTFGIL FSTHVLIHL IIFLVEKLQI SLFNIYIQFN 60
KPLASYLFSL LRYFFPHLA PVPPFLFSLC KRKYLYLGP TSIM 104
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

```
QCRGFNLKAY RNAAEIVQYG VKNNTTFLEC APKSPQASIK WLLQKDKDRR KEVKLNERII 60
ATSQGLLIRS VQGS DQGLYH CIATENSFKQ TIAKINFKVL DSEMVA VVTD KWSPWTWASS 120
VRALPFHPKD IMGAFSHSEM QMINQYCKDT RQHQQGDDES QKMRGDY GKL KALINSRKSR 180
NRRNQLPES 189
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 200

```
FFREAESPFV ARLECSGAIS AHCSTVSAHC SLRPPVFKRF SCLSLSSWD YRCAPPRPAN 60
FCIFSRDGVS LCWPGWSQSR PRDPAHLGLP KCWDYRX 97
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```
GQRCPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT LNLKFHCPAP 60
PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK GCSGTLPPNL 120
LGGPPSVGAG LGVCLDSQDL PRS 143
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```
SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS RHQDLYTVAA AIGTMIQNIK YISIIYINTQL 60
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSLSHTLM CSHTHAQTKH 120
RHRRVSNSTL LIGKQAWDIP LQ 142
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

```
DDRSHAFHHH KSVIDAMKGR PGQSPLFRPS QGTGRVPGTR QMLQDSVQAA LEEVAASEAL 60
LGPLSPPGKS RDGNASAGEG CQVFRSPPSE VPSPPGQDTP TSTFLKRRWD SQVTLLPSKK 120
CKSQQLQESV SQFPPSPGGR REGPWSSLGA GGPSSHISAK YFPLPVQPAC PCTSLEAGHR 180
PGRCVDLQES QGVDHPANLR LSSGTSCRRG LNPTPVQVRS HEASSQVKMH QTVTWRFYTF 240
LNFQQLGACL L 251
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

```
FAKGLDRERG NMNLDREGDT IERRTLPTLQ ASDLPFEGTL DGGRGRGLGL SYSHELLAST 60
DSSNSPPHKI TGTNIFNFAY LFLGEFPPSL FCPETTGTKAL HFEREEKLFG TTPMIFFVI 120
LEIYFFIILI ADVLFIYLIC IRSLNNRKL 149
```

RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFD TGM TLGQGMSREL

290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

GHGSYRTPKR SSTNCLGKFW ELADAKKKRK KVHQKQKRAT IRATELAKGK RHVGGSVSHL 60
SPGTVKCVIT AQVHGKRQQQ KALCRLE 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

QFIQGMCSRK FAWYLFVKHL KVPQIGFKVP GAVGWHEPR KATEHPARLL HRAGEVTFYL 60
FFRLHPIFHL PFLQRAQGAI IF 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

```
LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE 120
RTTEDIIRSV KVEREERAAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY 180
AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

```
RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV 120
LPCNQSVVVG SWGLEVSVA NANVTVTIQG SIAFVILHL YKKPAPFQRH HLGFIYANSE 180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVVKQ 240
```

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

```
KYELYTENAT  TEKTEPNSQE  DKNDGGKSRK  GNIELASSEP  QHFTTTVTRC  SPTVAFVEFP  60
SSPOLKNDVS  EEKDQKKPEN  EMSGKVELVL  SQKVVKPKSP  EPEATLTFPF  LDKMPEANQL  120
HLPNLNSQVD  SPSSEKSPVM  TPFKFWAWDP  EEERRRQEKW  QQEQERLLQE  RYQKEQDKLK  180
EEWEKAQKEV  EEEERRYYEE  ERKIIEDTVV  PFTVSSSSAD  QLSTSSSMTE  GSGTMNKIDL  240
GNCQDEKQDR  RWKKSFGQDD  SDLLLKTRES  DRLEEKGSLT  EGALAHSGNP  VSKGVHEDHQ  300
LDTEAGAPHC  GTNPQLAQDP  SQNQQTSNPT  HSSSEVVKPKT  LPLDKSINHQ  IESPERRRKS  360
ISGKKLCSSC  GLPLGKGAAM  IIETLNLYFH  IQCFRCGICK  GQLGDAVSGT  DVRIRNGLLN  420
CNDCYMRSRS  AGQPTTL                                437
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 331 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

```
SANHKLEVNG  TDGLAPVEVE  ELLRQASERN  SKSPTEYHEP  VYANPFYRPT  TPQRETVTPG  60
PNFQERIKIK  TNLGIGVNE  SIHNMGNGLS  EERGNNFNHI  SPIPPVPHPR  SVIQQAEKEL  120
HTPQKRLMTP  WEESNVMQDK  DAPSPKPRLS  PRETIFGKSE  HQNSSPTCQE  DEEDVRYNIV  180
HSLPPDINDT  EPVTMIFMGY  QQAEDSEEDK  KFLTGYDGII  HAELVVIDDE  EEEDEGEAEK  240
PSYHPIAPHS  QVYQPAKPTP  LPRKRSEASP  HENTNHKSPH  KNSISLKEQE  ESLGSPVHHS  300
PFDAQTTGDG  TEDPSLTALR  MRMAKLGKKV  I                                331
```

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

```
RHWGFTASIF SLKRFITSTS KEQTNWRNVC FFFLFIKFYS TAKFQISFTY RPCKGTVRTE 60
HLFYLRDKGV EIFSLNFIRK GWVQWLMPVI SAFWEAEAGR SLVARSLRPA WATQ      114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

```
NLINKKKKHT FLQLVCSLLV EVINRFKEKI LAVNPOCLQL FWQNIFKEIQ QANFEVLMKV 60
KEGGISSFGR NEKCLTRDIT THVGSGCFLP KTFREEVN      98
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 437 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
KSAAQTAMTT PPQTPHPYF INRQDFPCIL LRISSSHSPA PSPMSWLHHC KTDLLQGSQK 60
LLLALYHFYP HLPPEATATIH SHCPSALRPS SRADGSMVIL SWVLLKPSQ GADSQRASRV 120
SGLDDSKEGT PIFIKTDIP RGF 143
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

```
TQTRHFQLAT QSGRAGGNTD LDIHKKIKPK IKHSILCPLK GLIKGTQSPP RSPLPCQHHK 60
ASSAHTKGLG RGILLPPHQP QEWT 84
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

TFLLSLSYSS SRYFSQEFQR RLLKCLLAA QYQSINYPFW GLALEIIFVG RPNSSQQGSQ 60
ACLLDLFPLR GRNEL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

QGTRHPQSLS HKPAKKIDVA RVTFDLYKLN PQDFIGCLNV KATFYDTYSL SYDLHCCGAK 60
RIMKEAFRWA LFSMQATGHV LLGTSCYLQQ LLDATTEEGQP PKGKASSLIP TCLKILQ 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

```
VRAGPEAAGQ GADSAPTARV FMKSVKLEWV QDNIRAAQDL CEEALRHYED FPKLWMMKGQ 60
IEEQKEMMEK AREAYNQGLK KCPHSTPLWL LLSRLEEKIG QLTRARAILE KSRLKNPKNP 120
GLWLESVRLE YRAGLKNIAN TLMAKALQEC PNSGILWSEA IFLEARPQRR TKSVDALKKC 180
EHDPHVLLAV AKLFWSQRKI TKAREWFHRT VKIDSDLGDA WAFFYKFELQ HGTEEQQEEV 240
RKRCESAEPR HGELWCAVSK DIANWQKKIG DILRLVAGRI KNTF 284
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

```
QPGIKESILM KETQGPYGQG FLGQDSHQHI THVLLGREKQ YIPVERSQSI SGRNVVKGGR 60
CYAAAPSVPE VAVIP 75
```

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

| | | | | | | |
|-------------|-------------|------------|------------|------------|------------|-----|
| SLCVFPSSAA | SFLSFLALVV | AATMNKKKKP | FLGMPAPLGY | VPGLGRGATG | FTTRSDIGPA | 60 |
| RDANDPVDDR | HAPPGKRTVG | DQMKKNQAAD | DDDEDLNDTN | YDEFNGYAGS | LFSSGPYEKD | 120 |
| DEEADAIYAA | LDKRMDERRK | ERREQREKEE | IEKYRMERPK | IQQQFSDLKR | KLAEVTEEEW | 180 |
| LSIPEVG DAR | NKRQRNP RYE | KLTPVPDSFF | AKHLQTGENH | TSVDPRQTQF | GGLNTPYPGG | 240 |
| LNTYPYPGGMT | PGLMTPGTVS | WT | | | | 262 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

| | | | | | | |
|------------|------------|-------------|------------|------------|-------------|-----|
| HTLSRWTKHS | IPRWNDARTD | DTWHSELD MR | KIGQARNTLM | DMRLSQVSDS | VSGQTVVDPK | 60 |
| GYLTDLNSMI | PTHGGDINDI | KKARLLLKSV | RETNP HPPA | WIASARLEEV | TGKLQVARNL | 120 |
| IMKGTEMCPK | SEDVWLEAAR | LQPGDTAKAV | VAQAVRHLPQ | SVRIYIRAAE | LETDIRAKKR | 180 |
| VLRKALEHVP | NSVRLWKAAV | ELEEPEDARI | MLSRAVECCP | TSVELWLALA | RLETYENARK | 240 |
| VLNKARENIP | TDRHIWITAA | KLEEANGNTQ | MVEKIIDRAI | TSLRANGVEI | NREQW IQDAE | 300 |
| ECDRAGSVAT | CQAVMRAVIG | IGIEEEDRKH | TWMEDADSCV | AHNALECARA | IYAYALQVFP | 360 |
| SKKSVWLRAA | YFEKNHGTRE | SLEALLQRAV | AHCPKAEVLW | LMGAKSKWLA | GDVPAARSIL | 420 |
| ALAFQANPNS | EEIWLAAVKL | ESENDEYERA | RRLAKARTV | PPPPGCS | | 467 |

```
ATGGTCCCCA CCAGCCAGGG CTTCACTGAG GTGCGAGATG TCTTCTTCAA GGAGGTCACG 600
GACATGAACC TGAACGTCAT CAACGAGGGC GGCATTGACA AGCTGGGCGA GTACATGGAG 660
AAGCTGTCCC GGCTGGCGTA CCACCCCTG AAGATGCAGA GCTGCTATGA GAAGATGGAG 720
TCGCTGCGAC TGGACGGGCT GCAGCAGCGA TTTGATGTGT CCAGCACGTC CGTGTTCAAG 780
CAGCGAGCCC AGATCCACAT GCGGGAGCAA ATGGACAATG CCGTGTATAC GTTCGAGACC 840
CTCCTGCACC AGGAGCTGGG GAAGGGGCCC ACCAAGGAGG AGCTGTGCAA GTCCATCCAG 900
CGGGTCCTGG AGCGGGTGCT GAAGAAATAC GACTACGACA GCAGCTCTGT GCGGAAGAGG 960
TTCTTCCGGG AGGCGCTGCT GCAGATCAGC ATCCCGTTCC TGCTCAAGAA GCTGGCCCCCT 1020
ACCTGCAAGT CGGAGCTGCC CCGGTTCCAG GAGCTGATCT TCGAGGACTT TGCCAGGTTCT 1080
ATCCTGGTGG AAAACACGTA CGAGGAGGTG GTGCTGCAGA CCGTCATGAA GGACATCCTG 1140
CAGGCTGTGA AGGAGGCCGC GGTGCAGAGG AAGACAACC TCTACCGGGA CAGCATGGTC 1200
ATGCACAACA GCGACCCCAA CCTGCACCTG CTGGCCGAGG GCGCCCCCAT CGACTGGGGC 1260
GAGGAGTACA GCAACAGCGG CGGGGGCGGC AGCCCAGCCC CAGCACCCCG GAGTCAGCCA 1320
CCCTCTCGGA AAAGCGACGG CGCGCCAAGC AGGTGGTCTC TGTGGTCCAG GATGAGGAGG 1380
TGGGGCTGCC CTTTGAGGCT AGCCCTGAGT CACCACCACC TCGTCCCCG GACGGTGTCA 1440
CTGAGATCCG AGGCCTGCTG GCCCAAGGTC TCGGCGCTGA GAGCCCCCA CCAGCCGGCC 1500
CCCTGCTCAA CGGGGCCCCC GCTGGGGAGA GTCCCCAGCC TAAGGCCGCC CCCGAGGCCT 1560
CCTCGCCGCC TGCCTCACCC CTCCAGCATC TCCTGCCTGG AAAGGCTGTG GACCTTGGGC 1620
CCCCAAGCC CAGCGACCAG GAGACTGGAG AGCAGGTGTC CAGCCCCAGC AGCCACCCCG 1680
CCCTCCACAC CACCACCGAG GACAGTGCAG GGGTGCAGAC TGAGTTCTAG GCCAGTGGGT 1740
CCCTGACTGC TGCACATGGC ACAGGCCGTT CCCTCCGGA CCCAGGCAGG CTCAGCTCTG 1800
GGGAGGGCAC CCTGGTCTGT GCCTTGTGGG TGGAGGCGGG GCAGGGCTGT GTGGCACCGC 1860
CAGGGAGCGG GCCCACCTGA GTCACTTTAT TGGGTTCACT CAACACTTTC TTGCTCCCTG 1920
TTTTCTCTTC TGTGGGATGA TCTCAGATGC AGGGGCTGGT TTTGGGGTTT TCCTGCTTGT 1980
GCCAAGGGCT GGACACTGCT GGGGGGCTGG AAAGCCCCTC CCTTCCTGTC CTTCTGTGGC 2040
CTCCATCCCC TCATGGGTGC TGCCATCCTT CCTGGAGAGA GGGAGGTGAA AGCTGGTGTG 2100
AGCCCAAGTG GTTCCCGCCC ACTCACCCAG GAGCTGGCTG GGCCAGGACC GGGAGAGGGA 2160
GCACTGCTGC CCTCCTGGCC CTGCTCCTTC CGCAGTTAGG GGTGGACCGA GCCTCGCTTT 2220
CCCCACTGTT CTGGAGGGAA GGGGAAGGAG GGGGTCTTCA GGCTGGAGCC AGGCTGGGGG 2280
TGCTGGGTGG AGAGATGAGA TTTAGGGGGT GCCTCATGGG GTGGGCAGGC CTGGGGTGAA 2340
ATGAGAAAGG CCCAGAACGT GCAGGTCTGC GGAGGGGAAG TGTCTGAGT GAAGGAGGGG 2400
ACCCCATCC TGGGGGATGC TGGGAGTGAG TGAGTGAGTG AGATGGCTGA GTGAGGGTTA 2460
TGGGGAGCCT GAGGTTTTAT GGGCCTGTGT ATCCCCTTCT CCCGGCCCCA GCCTGCCTCC 2520
CTCCTGCCCC CCTGGCCAC AGGTCTCCCT CTGGTCCCTG TCCCTCTGGT GGTGGGGAT 2580
GGAGCGGCAG CAAGGGGTGT AATGGGGCTG GGTTCTGTCT TCTACAGGCC ACCCCGAGGT 2640
CCTCAGTGGT TGCTGGGGA GCCGGACGGG GCTCCTGAGG GGTACAGGTT GGGTGGGCCC 2700
TCCCTGAGGG TCTGGGGTCA GGCTTTGGCC TCTGCTGCCT CTCAGTCACC AAGTCACCTC 2760
CCTCTGAAAA TCCAGTCCCT TCTTTGGATG TCCTTGTGAG TCACTCTGGG CCTGGCTGTC 2820
GTCCCTCCTC AGCTTCTTGT TCCTGGGACA AGGGTCAAGC CAGGATGGGC CCAGGCCTGG 2880
GATCCCCCAC CCCAGGACCC CCAGGCCCCC TCCCCTGCTG CTTTGCGGGG GGCAGGGCAG 2940
AAATGGACTC CTTTGGGTC CCCGAGGTGG GGTCCCCTCC CAGCCCTGCA TCCTCCGTGC 3000
CGTAGACCTG CTCCCCAGAG GAGGGGCCTT GACCCACAGG ACGTGTGGTG GCGCCTGGCA 3060
CTCAGGGACC CCCAGCTGCC CCAGCCCTGG TCTCTGGCGC ATCTCTTCCC TCTTGTCCCG 3120
AAGATCTGCG CCTCTAGTGC CTTTGGAGGG GTTCCCATCA TCCCTCCCTG ATATTGTATT 3180
GAAAATATTA TGCACACTGT TCATGCTTCT ACTAATCAAT AAACGCTTTA TTAAAGCCA 3240
AAAAAAAAG AGGGCGAAAA AAGGG
```

3265

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

```

CGGGGGCGAG CCGGGCCTGC GCGGTAGTGG GACCCGACCC TGTCTCCAGT GGGCGTCTTG 60
GGCCCCGGCT CTATTCTGGG CTGCGGGCCT GGAAGGGCT CGCCGGGTGC CAAATGAGCT 120
GTCCTAACTC TCGGGGGCTG CAGCTTCCTG CATGATGCTG GGGAGCTTGG CGCCTGACCC 180
AGGATCTAGA AGGCACTCTG GGCAGGCCGC GCTCCGCCCA CGAAGGTACC CAACCCTCTG 240
GGATAGATGC AGGAAGCGAT GGTAAAGACC CATTTTCACC CAACTTCTCG CCGCAGTCTG 300
GCTTACCACA CGCTCCTCCC CATTCCCAGT GAGCCGCTTT TTGCAGCACC AGGCGAACAC 360
TTACACCACT GCTTTGTAAA GGAATCTTAT TGTCCACCCC GTGTCTTGGC AAAAGAACAG 420
TGATCACACA GATTCTACT TGGGCTCTTT CTTTAAATCT TCGGAGGCTG AGTTTGCCCA 480
ACTCAGGTTT AACCACCAAG GACTCTGAGA GCTGGCAGGT CTGAGTAACC CTGGTAACAA 540
TTCTCTTCAC CTTATCAAAA CCTGAGCTAA AACCAATGCA TCAGCTGATG ATGACAGCAG 600
AGAGTGGCAG GGCTGAGGAC CCAAAGTCAT TTCCAGGCT GGCGGAGAAT AAAGTGCCAG 660
GGAGAAGAAT GAGAAGACAG GAGACAACT GTTTGGAAAG CTAAATCTTC CCTCTTAATG 720
AATAAGGTT TTTGCCTTGT CTTAAAAAAT AACAGGAAGA AGCAGGGAAA AATAAATAAC 780
TTATGGTAAT CTGGAATTGT ATTTTGTAAAT ATTAAGTGTT TTGAACCTCT AACATTTACC 840
TTCCCCAAAA ATCGAACCTT CAGGTTTCAA AAAT 874

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3265 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

```

TACTTCTGCA TGATGACAGA AGCCGAGCAG GACAAGTGGC AGGCTGTGCT GCAGGACTGC 60
ATCCGGCACT GCAACAATGG AATCCCTGAG GACTCCAAGG TAGAGGGCCC TCGGTTTACA 120
GATGCCATCC GCATGTACCG ACAGTCCAAG GAGCTGTACG GCACCTGGGA GATGCTGTGT 180
GGGAACGAGG TGCAGATCCT GAGCAACCTG GTGATGGAGG AGCTGGGCCC TGAGCTGAAG 240
GCAGAGCTCG GCCCGCGGCT GAAGGGGAAA CCGCAGGAGC GGCAGCGGCA GTGGATCCAG 300
ATCTCGGACG CCGTGTACCA CATGGTGTAC GAGCAGGCCA AGGCGCGCTT CGAGGAGGTG 360
CTGTCCAAGG TGCAGCAGGT GCAGCCGGCC ATGCAGGCCG TCATCCGAAC TGACATGGAC 420
CAAATTATCA CCTCCAAGGA GCACCTTGCC AGCAAGATCC GAGCCTTCAT CCTCCCCAAG 480
GCAGAGGTGT GCGTGCGGAA CCATGTCCAG CCCTACATCC CATCCATCCT GGAGGCCCTG 540

```

```

AAACAGTGCC AAACCTCCAC AGCTCATTTT TTTGTAATAT AATCAGAATG AAAAATAATT2100
TAAGAGGACA GAAGACTGGT ACTTTTTTTT TTTATTTTTT CTCTAGCTTA TCCCTGCACA2160
ATTATTAGAG TGAATGAAAA ACCACTTTCC TGCTTTCCAT TGTTATAAAT TCTAAGCTTA2220
AGATAAAAGT GGTTCCTTAC ATGACTGAAT CAATTACAAT TTATGGGCTA GAGCCAAATA2280
GGTTGAAGAC AATCATCCAA ACAGATCAAT GGAATAGAAT TTCATTGGAA ATGTAAACA2340
CTTTCCCAAC AATGGTCATG ACTTTCTTCT GTTTTGGAGA AGAGTTTCAT ATGCTGGACC2400
ACATTTTAGC TTTTATTGTT TTTTTTTTCC CATTGTCCAA AAAGTTAAGC AACAAGTGGC2460
CACACTTTTA CGTGACTACA ACCTGGAGTT CTGCAAAGAA GGTAATATTT ACTTGGTCTT2520
TGACTAAAGT TATCTCCCA TTCTATGGTT ACATTTTATT TTGGACTATG GGGACTTCTA2580
ATACGTTTTG GTAAAGAAGA GAGTATAAAG AAAATTCTTG TCAAATTTCA CTCAAAGTA2640
ATTTTCATGAG AAATCAATGA TTAAAGCAT TATCCAAATT AAATTATCAT TTGCAGCAA2700
CTGTACAACA GCAGGAAGGA TATGGAATGG AACATGAGGT ATATATCTTT GCCTTTATAA2760
TTTTAACATC TTATATTGAA GATTCTGAAA ACCTATCTTT ATTAGAGGAA AATCTCAATC2820
TTCAGTTTTG GCCTTCTGTC ACCAGAATGA TAAGTGCAAT AGTTGTAAAT CTACTTGACA2880
CTGTAATAAA CTGAACTGAA CTTTCAAAAT CCCTTTCTCA TACTAGACTG AGTTTTTTGA2940
GAATGGAGGT GGAACCTTTT TTTTTTTTTT TTGTGAGACA GGATTAAATT CCCTTCGACC3000
CAGGCTGGAG TGCAATGCAA TGTTGGCTCA CTGCAGCCTC TGCCTCCTGG GGCTCAAAGT3060
GATTCTCCTG CCACAGCCTC CTGAGTAGCT GGGACTACAG GCGCACACCA CCCGTGCCCA3120
GCTAATTTCT GGTATTTTTT TTTCTTTTGT TAGAGACAGG GTTTCGCCAT GTTGCCAGG3180
CTGGGTTTCA AACACCTGGG CTCAAGCAGT CTGCCTGCCT CAGCCTCCCA AAGTGCTGGT3240
AATACTGCAC CTGGGCCTGT GGTACCTTAT TTATCTTTGT ATCTCTAGTC CTTTGCACCA3300
TTCAGCCTCA ATAAAGGTTG GTTGGTGGGT TGGGTGAGTT GGTTGGTTGG AATGGATGGA3360
TGGATGGATG AATGACTTTC ACATACAGCA ATACCATCTT GGATTCATC AATATCTTTC3420
CTCTTTAATT TTTGACATAA ATCTATACTA

```

3450

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

```
CTCGTCCCAA ACCAGGACAC CCTCTCTACA GTAAATACAT GCGTGGGGAT GTACTTGTGA 60
TGCTGAAGCA GACGGAAAT AATTACTTGG AGTGCCAAAA GGGAGAAGAC ACTGGCAGAG 120
TTCACCTGTC TCAAATGAAG ATTATCACTC CACTTGATGA ACATCTTAGA AGCAGACCAA 180
ACGATCCAAAG CCACGCTCAG AAGCCTGTTG ACAGTGGTGC TCCTCATGCT GTCGTTCTTC 240
ATGATTTCCC AGCAGAGCAA GTTGATGATT TGAACCTCAC TTCTGGAGAA ATTGGTTTAT 300
CTTCTGGAGA AGATAGATAC AGATTGGTAC AGAGGGAAC GTAGAAACCA GATTGGCATA 360
TTTCCTGCCA ACTATGTCAA AGTGATTATT GATATCCCAG AAGGAGGAAA TGGGAAAAGA 420
GAATGTGTTT CATCTCATTG TGTTAAAGGC TCAAGATGTG TTGCTCGGTT TGAATATATT 480
GGAGAGCAGA AGGATGAGTT GAGTTTCTCA GAGGGAGAAA TTATTATTCT TAAAGAGTAT 540
GTGAATGAGG AATGGGCCAG AGGAGAAGTT CGAGGCAGAA CTGGGATTTT CCCCCTGAAC 600
TTTGTGGAGC CTGTTGAGGA TTATCCCACC TCTGGTGCAA ATGTTTTAAG CACAAAGGTA 660
CCACTGAAAA CCAAAAAGA AGATTCTGGC TCAAACCTC AGGTAAACAG TCTTCCGGCA 720
GAATGGTGTG AAGCTCTTCA CAGTTTTACA GCAGAGACCA GTGATGACTT ATCATTCAAG 780
AGGGGAGACC GGATCCAGAT TCTGGAACGT CTGGATTCTG ACTGGTGCAG GGGCAGACTG 840
CAGGACAGGG AGGGGATCTT CCCAGCAGTG TTTGTGAGGC CCTGCCCAGC TGAGGCAAAA 900
AGTATGTTGG CCATAGTACC GAAGGGGCAG GAAGGCCAAA GCCTTATATG ATTTCCGAGG 960
GGAGAATGAA GATGAACTTT CCTTCAAGGC TGGAGATATA ATAACAGAGC TGAATCTGT1020
AGATGATGAC TGGATGAGTG GAGAACCTAT GGGAAAATCT GGAATATTTT CCAAAAACCTA1080
CATACAGTTT CTACAGATCA GCTAGAGGAG AAGCTTGTCT GTGTTCCCTG GCACAAGAAC1140
TCACTTGAAC TATCACCTTG ACTATCAGAT ATGTTTTTGC ACTATTTTTT TTAAGTAAA1200
AAGAAATATC TAAGCTGTAC ATGGTACACT AGAATTTTCT GAAAGCAGAA AACGTTTCA1260
TTTTGTAGTT AATTTTCATT ACAATAGAAA CATGCACATG GAAACCCATG AGCTAGGATT1320
CTACCGAGGA AAACATCTAG TGGGATTAGC AAGGTGAAGG GAAAGCATCT GGTGGCATGG1380
CAGCATGGGG AGGCTCACAC ACAGAAGTTG CACGTGGACA TCTGTTTTAA TCAGCACAA1440
TGAATTAACC ATGCTTCTTC ATTTTTTTAC TTTAGTTAAA AAAGAGGACA TTTAATATTC1500
TACATGCTGT AACTATCAGG ACATGGTTAG CAATCTCAAT TTCATTTTGT ATATTCAAAT1560
TAATTCTTAC AGCTTGAGCA TATCAGCCTT ATTACCAGAG CAAATCCTTC CTTCAGATGG1620
GATAGTTTAC TGACTAGTTG GAGCATTGTG AAGCACATGG TGAAATCAGC CCCTGCCAC1680
CAAAATAATC TTTATGTTAC CAAGTGATTG CCATTTGTCT AAGGATTGTA AGGGGGTCTA1740
AATTGGATGT ATCTTAGTCT AAAGAACCAA AACCATCCCT GAAATGCCTT GCTAATACAA1800
CTAATCCTTC CATATATGTG CCATACTTAT TTTTTTCTC AGTGATACT TTATGTTAAC1860
AGGGTTATTA CAAAGCACAT TTTCTGAATC TGCAATCATT CCTTTGACAA TTACTGGACC1920
CAAAGGAAAA TTCATTTTCT TTGCATTATT CCAGTAATAT ATAAAACTG TGTCTTGTTA1980
TAGTAGTACA TTATGAATCA CATATAAAAT CTTACAATAC AGAACAAC TGTTAAGATGGA2040
```

TTCCAACGTT CCCCTTGCGT AAAATGTCCT GGCAAACCAT GGAAGCTTTG ATGCAAGAAC 60
CCTGTTGTAC TGGAGTTTTT CTCCCCTGTG AAAACGTAAC TTACTGTTGG GAGTGAATTG 120
AGGATGTAGA AAGGGTGGTG GAACCAAATT GTGGTCAATG GAAATAGGAG AATATGGTTC 180
TCACTCTTGA GAAAAAAACC TAAGATTAGC CCAGGTAGTT GCCTGTAAC TCACTTTTTT 240
TGCCTGGGTT TGATATAGTT TAGGGTTGGG GTTAGATTAA GATCTAAATT ACATCAGGAC 300
AAAGAGACAG ACTATTAAC CCACAGTTAA TTAAGGACGT ATGTTCCATG TTTATTTGTT 360
AAAGCAGTGT GAATAGCCTT CAAGCATGTG AATAATCTTC CATCTTCCCC GCCACACATA 420
CACACACACA CTTTTTGTTT CTTTCAGGTA GACACCTTTT AAAATGCAGA ACTAACTGAG 480
GCATTTTCAGT AACTTTGCTT TCAAATCAAT AAAGTCAAAT GTATGGAAAC ATTTTGTGCC 540
CTACTCTCCA TACCCCGTGT ACTCAAATTC TCTACTGTAT GAATTATGCT TTAAGTAGAA 600
TTCAGTGCCA AGGAGAACTT GGTGAAATAA ATTATTTTAA TTTTTTTTTT ATCCTTTACA 660
AAGCCATGGA TTTTATTTGG TTGATGTGTG CTCTGTACAC AAGCCATTTT AATAGGATGG 720
AGCTGTTAAT TATTTTCCAA AGAGTAATAG ACATGCAAAA GTTTCAATAA AAAGTGGGCC 780
ATTAACAAAT AAATTAATAA ACTAATAAGC ATTCCTTCT AGGTTTTTGC CAACTGCCT 840
ATCCAATAAC AAATTTGAGA ATCGTTGAAA AAGCTAGTTA TATTTTCAGAG AAATGATTTT 900
CATTATTGAA ACTGTTCTCC CTAGCAGGCC ATTTTCCCTT TTTCTGGGA GTTTAGCAAG 960
TTTAGGAGAG AATAGTCATG AAAAGAAAGG GAAGAAAGGG GAGAAGGGAA GAGTTAAAAA 1020
AGTAAGTGCT CAGACCTATG AACGTAATCC CTTTGCTAGA AATATTTAAG AGCAGCTCAG 1080
CTTGGTTGAA ACTGAGTTTT GTCATCTTCC ATATTTGCAG GAAGGTATTT TCTGACTTGC 1140
AATGCAGCTA GATGTAAAT TTTATTTTAT CATACTAGAA AGCCTTGACT AGAAAAATGA 1200
ATAAATATTG AGGGTTTCTT GTCCATATCT GGCTTGCATG TGCCAGAAAG CAGAGAATAG 1260
AAAATGTAAT CTCCAACATC CAAGCATCGA AACCCAAGGG GTAGGCAATT CTATGTAGGT 1320
TTTGGACATG AAGTTTGGTG CATCTTGGTT TATGCTGGCT CAACTGCTAT TAAACCTCTC 1380
TGGCTTATAG TCTCTTCATT CTATTAGACA AGCACGTATC GAACACTTGC TTCGCACAAG 1440
GCTCTTTAGT TAACAATTTA GCAGCTACTG TTTGTGTTAA ACACACTTTT CACCAAATAG 1500
GTTCTGAGGC AAACGAGAGC AATGACTATT TAAAGAAAGG CTTTCCCAGC ATCACTTACA 1560
CATCCCAAAA CTAAAAAGAT CAACTCTTCC AACTGAGAAA AGACTCCTGG CTTTGAATGG 1620
AAACTTACAG CAGAGAGTCA CAGGCCACGG CAACAACAAC GACAACAACA AACATTTGGA 1680
ATATTATTCT CAACTCACGT TTTAATAATA CATCTTATTA TTTTCTAGT AGAGAACTA 1740
CAAAATCAGC TCTTCAACAT TTATATACAG TTTAATAAGC CTCTTGCAAG TTACTTGTTT 1800
TCTCACCTGA GGTATTTTTT TCCTCCCCAC CTTGCCCTG TTCCTCCCTT CCTCTTCTCC 1860
CTTTGCAAGA GGAAATATTT AACATATTTG GGTCCAACCT CAATAATGTA ATAATTAATA 1920
CATTAAGAGC ATTTAACTTC CTTTCTAGAA AAATGCACAG GCTAAGGCAT AGACAAAACA 1980
AAGAGAAATG CTGAGAAATT TGCCACTGGA GACAAGCAAT CTGAATAAAT ATTTGCCAAA 2040
AGTTCTTTTT ATGTCATATA GTGTCAGGAT TTGAAGGAGC TATTTTTTTT TAATGTTGCA 2100
ACTAGCAACT CATCTTCGGA AGACACAGCC AGGAGAATGA AGTAGAAGTG AAAGGTTTAT 2160
AAATCCATTT GTAAGCATTT ATCCCATATA TTTTAAATTC AAGAAAAATT GTGTTTATCT 2220
TTAGAATTTT GTATTCATA CTTTATGTAC TATGTGACTC ATGCTTCTGG ATAAATAAAG 2280
CACCAAATAT GTATCTGTAA CCACAATCAC ACATATTATA TTAAATATAT ATCTATATAA 2340
CAGCCAAAAA AAAAAAAAAA AAACACAAGA AAAAGAAAGG GAGAGGGGGG GGGAGAGAAG 2400
GGGGGGGAGG T 2411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3450 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear


```

AGTGGCAATT CACACATAAG GCTCCATGAC TCCTGAACGC CTCACAAATA TTAGTTGGCT 180
CTTTTCATGG TTTTACTGAA CTTGCTAGAA GTTTACAGGC AAGGAAGTGC AGGAACATTT 240
CACAAATCTA CAATCTGTGA GTATCACATC CTGTATAGCT GTAAACACTG GAATAAGGAA 300
GGGCTGATGA CTTTCAGAAG ATGAAGGTAA GTAGAAACCG TTGATGGGAC TGAGAAACCA 360
GAGTTAAAAC CTCTTTGGAG CTTCTGAGGA CTCAGCTGGA ACCAACGGGC ACAGTTGGCA 420
ACACCATCAT GACATCACAA CCTGTTCCCA ATGAGACCAT CATAGTGCTC CCATCAAATG 480
TCATCAACTT CTCCCAAGCA GAGAAACCCG AACCACCAAA CCAGGGGCAG GATAGCCTGA 540
AGAAACATCT ACACGCAGAA ATCAAAGTTA TTGGGACTAT CCAGATCTTG TGTGGCATGA 600
TGGTATTGAG CTTGGGGATC ATTTTGGCAT CTGCTTCCTT CTCTCCAAAT TTTACCCAAG 660
TGACTTCTAC ACTGTTGAAC TCTGCTTACC CATTTCATAGG ACCCTTTTTT TTTATCATCT 720
CTGGCTCTCT ATCAATCGCC ACAGAGAAAA GGTTAAACCAA GCTTTTGGTG CATAGCAGCC 780
TGGTTGGAAG CATTCTGAGT GCTCTGTCTG CCCTGGTGGG TTTCAATTATC CTGTCTGTCA 840
AACAGGCCAC CTTAAATCCT GCCTCACTGC AGTGTGAGTT GGACAAAAAT AATATACCAA 900
CAAGAAGTTA TGTTTCTTAC TTTTATCATG ATTCACTTTA TACCACGGAC TGCTATACAG 960
CCAAAGCCAG TCTGGCTGGA ACTCTCTCTC TGATGCTGAT TTGCACTCTG CTGGAATTCT 1020
GCCTAGCTGT GCTCACTGCT GTGCTGCGGT GGAAACAGGC TTACTCTGAC TTCCCTGGGG 1080
TGAGTGTGCT GGCCGGCTTC ACTTAACCTT GCCTAGTGTA TCTTATCCCT GCACTGTGTT 1140
GAGTATGTCA CCAAGAGTGG TAGAAGGAAC AACCAGCCAA TCACGAGATA CACATGGGAG 1200
GGCATTGCA TTGTGATGGA AGACAGAGAA GAAAAGCAGA TGGCAATTGA GTAGCTGATA 1260
AGCTGAAAAAT TCACTGGATA TGAAAATAGT TAATCATGAG AAATCAACTG ATTCAATCTT 1320
CCTATTTTGT CAGCGAAGGG AATGAGACTC TGGGAAGTTA AATGACTGGC CTGGCATTAT 1380
GCTATGAGTT TGTGCCTTTG CTGAGGACAC TAGAACCTGG CTTGCCTCCC TTATAAGCAG 1440
AAACAATTTT TGCCACAACC ACTAGTCTCT TTAATAGTAT TGACTTGGA AAGGGCATT 1500
ACACACGTAA CTGGATCCAG TGAATGTCTT ATGCTCTGCA TTTGCCCTG GTGATCTTAA 1560
AATTCGTTTG CCTTTTAAA GCTATATTAA AAATGTATTG TTGAATCAA AAAAAAAGG 1620
GAGTGAGAGG TGGGGTGGGG GGGGGGAGGA GGGGGGGCCG TTTAGGGGGG GCCGGTTT 1679

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

```

TTTTTTCGGG AGGCAGAGTC TCCCTTTGTC GCCAGGCTGG AGTGCAGTGG TGCCATCTCG 60
GCTCACTGCA GCACTGTCTC GGCTCACTGC AGCCTCCGGC CTCCCGTATT CAAGCGATTG 120
TCCTGTCTCA GCCTCCTGAG TAGCTGGGAC TACAGGTGTG CACCACCACG CCCGGCTAAT 180
TTTTGTATTT TTAGTAGAGA CGGGGTTTCA CTGTGTTGGC CAGGATGGTC TCAATCTCGA 240
CCTCGTGATC CNGCCACCT TGGCCTCCCA AAGTGTGGG ATTACAGGCN GTGACTCACC 300
ATGCCAGCC ACTTAGTTTT TTCTTATTCC CACCTTTCTA TCCCATAGAA CACTCTTTTT 360
TATCTTCCCT GAACCANTAT TGNATGAGAT AAATANGGGC TGGGGGCTGG GNCCCCGCNT 420
GNGTCACNTC AACANGAGTN ATTTNCCCTT GGNCCGNAGA TNGGAAGTTT TGTNCCCAAT 480
ANGATGNAGC TGCTNGAGTA TCAACAAGGN TGACATTTTT CTGNCTGNCC CNATTTGTGT 540
CCTGGNNNAG ACNGGTNGGT ACCCTGAAGG NCAGANGGCC NAGCTGCCGC AAGACAGCAA 600
NTGACAGTCC ACCTGCCGAC CTGATTCTTG CATCATGGAA TAANCCACNA TGGCTACCTT 660
CTATCCTCTG TTNCCCAAAT GGTGGNNTGG CACTTATCCT GAAGTCGTCTN AATGATTTCC 720
CTTTGNAAAC TACTTTATTT TACTAATTTA AACTATTTTG TACTGATGTA GCCCTGAGGT 780
ANGTTCATGA AAATGCTGTG CACTCATTCC NATGGAATAA ATGTTGGAAA GCTGATCTTT 840
TCTGATATAA AATGTTGAAT GATANNAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 892

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1679 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

```

GCACCCACTG GAAACACAGA CGGCACTCTG CGAAAGAGGA AGGGGCGCCA GGAGCTTGGA 60
TTAGAAAAC GAAGCTTCAA GAACAGACTT GCCTAACAAC AGGAAACTTG TATGTCTCGA 120

```

```

AGGAAGATAA AAATCAGTAA CCTACCCCAT GAAGATATTT GGTGGGAGTT ATATCAGTGA1260
AGCAGTTTGG TTTATATTCT TATGTTATCA CCTTCCAAAC AAAAGCACTT ACTTTTTTTTG1320
GAAGTTATTT AATTTATTTT AGACTCAAAG AATATAATCT TGCCTACTC AGTTATTACT1380
GTTTGTCTC TTATTCCTTA GTCTGTGTGG CAAATTAAC AATATAAGAA GGAAAAATTT1440
GAAGTATTAG ACTTCTAAAT AAGGGGTGAA ATCATCAGAA AGAAAAATCA AAGTAGAAAC1500
TACTAATTTT TTAAGAGGAA TTTATAACAA ATATGGCTAG TTTTCAACTT CAGTACTCAA1560
ATTCAATGAT TCTTCCTTTT ATTAACCA GTCTCAGATA TCATACTGAT TTTTAAGTCA1620
ACACTATATA TTTTATGATC TTTTCAGTGT GATGGCAAGG TGCTTGTTAT GTCTAGAAAG1680
TAAGAAAACA ATATGAGGAG ACATTCTGTC TTTCAAAAGG TAATGGTACA TACGTTCACT1740
GGTCTCTAAG TGTAAGAGTA GTAAATTTTG TGATGAATAA AATAATTATC TCCTAATTGT1800
ATGTTAGAAT AATTTTATTA GAATAATTTT ATACTGAAAT TATTTTCTCC AAATAAAAAAT1860
TAGATGGAAA AATGTGAAAA AAATTATTCA TGCTCTCATA TATATTTTAA AAACACTACT1920
TTTGCTTTTT TATTTACCTT TTAAGACATT TTCATGCTTC CAGGTAAAAA CAGATATTGT1980
ACCATGTACC TAATCCAAAT ATCATATAAA CATTTTATTT ATAGTTAATA ATCTATGATG2040
AAGGTAATTA AAGTAGATTA TGGCCTTTTT AAGTATTGCA GTCTAAAAC TCAAAAAC TA2100
AAATCATTGT CAAAATTAAT ATGATTATTA ATCAGAATAT CAGAATATGA TTCACTATTT2160
AAACTATGAT AAATTATGAT AATATATGAG GAGGCCTCGC TATAGCAAAA ATAGTTAAAA2220
TGCTGACATA ACACCAAAC TCATTTTTTA AAAAATCTGT TGTTCCAAAT GTGTATAATT2280
TTAAAGTAAT TTCTAAAGCA GTTTATTATA ATGGTTTGCC TGCTTAAAAG GTATAATTAA2340
ACTTCTTTTC TCTTCTACAT TGACACACAG AAATGTGTCA ATGTAAAGCC AAAACCATCT2400
TCTGTGTTTA TGGCCAATCT ATTCTCAAAG TTAAGGTAA AATTGTTTCA GAGTCACAGT2460
TCCCTTTATT TCACATAAGC CCAAACCTGAT AGACAGTAAC GGTGTTTAGT TTTATACTAT2520
ATTTGTGCTA TTAAATTCTT TCTATTTTCA CAATTATTAA ATTGTGTACA CTTTCATTAC2580
TTTTAAAAAT GTAGAAATTC TTCATGAACA TAACTCTGCT GAATGTAAAA GAAAATTTTT2640
TTTCAAAAAT GCTGTTAATG TATACTACTG GTGGTTGATT GGTTTTATTT TATGTAGCTT2700
GACAATTCAG TGACTTAATA TCTATTCCAT TTGTATTGTA CATAAAATTT TCTAGAAATA2760
CACTTTTTTC CAAAGTGTA GTTTGTGAAT AGATTTTAGC ATGATGAAAC TGTCATAATG2820
GTGAATGTTT AATCTGTGTA AGAAAACAAA CTAAATGTAG TTGTCACACT AAAATTTAAT2880
TGGATATTGA TGAAATCATT GGCCTGGCAA AATAAACAT GTTGAATTCC CCAAAANNGT2940
NCTTTNAAAA GANGACTTGC AGGGTGCACA GTCAGAAAT GAGGCAA

```

2987

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

TATATAGATG GAAATATACT TTATATTTTG TATCATCGTG CCTATAGCCG CTGCCACCGT2580
 GTATAAATCC TGGTGTCTGC TCCTTATCCT GGACATGAAT GTATTGTACA CTGACGCGTC2640
 CCCACTCCTG TACAGCTGCT TTGTTTCTTT GCAATGCATT GTATGGCTTT ATAAATGATA2700
 AAGTTAAAGA AAACCTCAAAA 2720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2987 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

CTCAATGCAG AGGATTTAAT CTAAAAGCAT ACAGAAATGC AGCTGAAATT GTGCAGTATG 60
 GAGTAAAAAA TAACACCACT TTTCTGGAGT GTGCCCCCAA GTCTCCGCAG GCATCTATCA 120
 AGTGGCTGTT ACAGAAAGAC AAAGACAGGA GGAAAGAGGT TAAGCTGAAT GAACGAATAA 180
 TAGCCACTTC ACAGGGACTC CTGATCCGCT CTGTTTCAGGG TTCTGACCAA GGACTTTATC 240
 ACTGCATTGC TACAGAAAAT AGTTTCAAGC AGACCATAGC CAAGATCAAC TTCAAAGTTT 300
 TAGATTTCAGA AATGGTGGCT GTTGTGACGG ACAAATGGTC CCCGTGGACC TGGGCCAGCT 360
 CTGTGAGGGC TTTACCCTTC CACCCGAAGG ACATCATGGG GGCATTGAGC CACTCAGAAA 420
 TGCAGATGAT TAACCAATAC TGCAAAGACA CTCGGCAGCA ACATCAGCAG GGAGATGAAT 480
 CACAGAAAAT GAGAGGGGAC TATGGCAAGT TAAAGGCCCT CATCAATAGT CGGAAAAGTA 540
 GAAACAGGAG GAATCAGTTG CCAGAGTCAT AATATTTTCT TATGTGGGTC TTATGCTTCC 600
 ATTAACAAAT GCTCTGTCTT CAATGATCAA ATTTTGAGCA AAGAACTTG TGCTTTACCA 660
 AGGGGAATTA CTGAAAAAGG TGATTACTCC TGAAGTGAGT TTTACACGAA CTGAAATGAG 720
 CATGCATTTT CTTGTATGAT AGTGACTAGC ACTAGACATG TCATGGTCCT CATGGTGCAT 780
 ATAAATATAT TTAACCTAAC CCAGATTTTA TTTATATCTT TATTCACCTT TTCTTCAAAA 840
 TCGATATGGT GGCTGCAAAA CTAGAATTGT TGCATCCCTC AATTGAATGA GGGCCATATC 900
 CCTGTGGTAT TCCTTTCTCTG CTTTGGGGCT TTAGAATTCT AATTGTCAGT GATTTTGTAT 960
 ATGAAAACAA GTTCCAAATC CACAGCTTTT ACGTAGTAAA AGTCATAAAT GCATATGACA1020
 GAATGGCTAT CAAAAGAAAT AGAAAAGGAA GACGGCATT TAAAGTTGTAT AAAAACACGA1080
 GTTATTCATA AAGAGAAAAT GATGAGTTTT TATGGTTCCA ATGAAATATG TTGGGGTTTT1140
 TTTAAGATTG TAAAAATAAT CAGTTACTGG TATCTGTCAC TGACCTTTGT TTCCTTATTC1200

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

```
GGAGCTGTCC CTGACTNTGC AGGCCTGAGC GAGTGTGTGA GCATGCGGGG ACATGGGTGT 60
GTATGGCACA CATAGGTGCG TGTGTGTCTT TTGTATTTT TCTCCTCCAA GGAGCTGTGT 120
CAGTGTGGAC GTTCTGTTTC AGGGAGTTGG AAAGGAGGGT GTCTGCAGAA GGTGGAGAGC 180
AGGGGCAGAG GCCCCACTGG CCACCCCTTG CTTCCAGAG TGAAACCTTG TGCCTGGTGA 240
CCAAAGTCCC TCCAAAGTGC TCTTCCTTCT GGGTTATTCA AGCCAAATAT CTGGGTTTCC 300
CCCTCTCCTC ATTCCCTAGC AAACCCCAAT TATCTTTCAA GATAGGAGAT ATTTCCCATC 360
CCCTTCCTTT GTAAATATCT CATCTCCAC TGGAGAGCCC AGGAGCCTAT TCCTGGCATG 420
GATGTTCTGT CCACACTTGA GGCTGGGCGG TGTATCAGAC CCTTCAAGCA GCCTGGCTGG 480
GGCCCAGGAC TGAGTCTGGG GTCAGCTTTC ACGGTCGCTT TTCCCTTCCT CACCACCCAC 540
CACAGCCCAC CTTGCATGCA TGGCCAGCCC CTCCACTCCA GCCTGAGCCA TGTGTGCCCC 600
TGCGGGAGGA CCCATTGATG CCAGAAAGCT GGTAACCTCC TCCCAGCATC CCTGCGGAAG 660
GAGTCAGTTT CTGAGAGTGT GACTTTTCAA GGCGAATGAT GGGGAAGGGT TCCCCAGTCC 720
CCACAGTGGC CCCACCTCTG GGCCCTGCAC CAGAGCCCTT CTGTGTCACG GCGGGCTGTG 780
CACCCATGCA CACACCTACG CACACACAAC ACTCCGCACT GCAGTATATT CTTGCCAAAG 840
ATTTCTTTTA AAAGCAAGCA CTTTTACTAA TTATTATTTT GTAAATGTTT ATCTTCTTCT 900
GTCTTCTCCC TCCCTGAATC TATTTTACTG TTGTTTATTG TTGAATCTGT GTGTCAGCCA 960
GGAGAGCGCT GTCTGGCCTT GAACATGGGC TGGGATGGGA AAGGGTCTGG GAGAAGATGG 1020
GCAACAAAGA GCCAGGGAGT CATGGACATC GCAGCGACGC AGACCCAGC AGGTTCACTC 1080
CCGTGCTGCC ACCAGCTGTC CAGCTGGGTG TCTGGAGGGA AGAGGGCAGA GGAGGGTCAT 1140
GTCCCTTCAG CTGGGGGAGG GGCCAGTGA GCTCCACGTG GCTTTTTCCT AAAGGGAGCA 1200
AGAGGGAAGG ATTGGGCGAG AAAACAATGG AGAGGGGACC TGCGAAGGAA AACAGGGAGG 1260
AAGTGAGCGG TTTGATCAGC CTGCTATCAC GGTGTTCTGG CTCTCTTATT TAGCCAGGCG 1320
CTTAAGGGAC AGATACATCA CATCCTAAGT TTGGGAAAGG CTTTGACCC ATGTCATCTG 1380
AGCGTCTCCT CCAGTAGCTC TGAAAGCTGT GGACACCAAT GGCCAGGATT CCTTCTCCCC 1440
TGTTTTTTGA GGATCCCTGG GTCTTCTGAG ACTGGCCAGG AGAGGGATGG TGGGGCCAGT 1500
GGTTGTGTGA AAGCAGGAGG GGCAGCCCTC CTGGACAAGT GTGATCCCC TATAAACGGC 1560
TCTCAGGAGG TTAGTGAGTA GGAGATTCTG CTTGTTCTG ATGAGCCTGT GCAGGGGCTC 1620
CAGGGGAGCA TGCTGTCCAG GGGGCACAGA AGGGTGGTGA GTGTGATCAA ATCTAGTCTC 1680
ACTCCCACTT TTTTAGTCTC ACTCCTACTT TTGTCCACCA CCCCTGCCTC CTGGATCTTC 1740
TCCCACCTTT TTTTTCAGCT TTAGGACCTG GGGAGATCCT GTGAGTCAAG GCAGACACCC 1800
AATCCTGCCC CCACACTCGG GGGTCCTCCC AAGAGGTTGG GGGGCAGAGT CCCAGAGCAG 1860
CCCTTTACCC CAGGTCCAGG CCCTGGAATC CTGAGACTCG CGTTTCCTTG GCCAGTGGTA 1920
ACACAGGACG TGTGTGCGCA TGTGCAAGTG TGGATGTATG TGTGTGCGTG TGTTTTGCTC 1980
ATTTCTTTAG GGAACCTTGG AGTCGGGGT GGAGGTGCTG GGCAATGGAA CTTCAAATTC 2040
AATGTCGCCC AGCAGTGAGG GGAGTCGGGA GGTGAGGCCT GTAGGCCAAC CAATTGGTGG 2100
AGTCTCAGCG ATAGCCCAGG TGAGAAGTGG TTCACCCAGA GGGGCAGGGT GGAGGCTCG 2160
GGCAGATCTG TCCCTCTTGG GCACCTCTGT CCTCAAATGT CCAAAATGTT GGAGGACCTC 2220
TGTTTCATAT CCACGCCTGG GCTCTTGCCA GCAGTGGAGT TACTGTAGAG GGATGTCCCA 2280
AGCTTGTTTT CCAATCAGTG TTAAGCTGTT TGAAACTCTC CTGTGTCTGT GTTTTGTGTT 2340
TGCGTGTGTG TGAGAGCACA TCAGTGTGTG CAGGCTGTGT TTCCCCATTT CTCTCCTCCC 2400
TTCAGACCCA TCATTGAGAA CAAATGTAAG AAATCCCTTC CCACCACCT CCCTGCCTCC 2460
CAGGCCCTCT GCGGGGGAAA CAAGATCACC CAGCATCCTT CCCCACCCCA GCTGTGTATT 2520
```

```

AAGAGGCCGC TGGGGACACT GTGCTGTTTT GTTTCGTTTT TGTGATCTCC CGGCACGTTT 180
GGAGCTGGGA AGACCACACT GGTGGCAGAA TCCTAAAATT AAAGGAGGCA GGCTCCTAGT 240
TGCTGAAAGT TAAGGAATGT GTAAAACCTC CACGTGACTG TTTGGTGCAT CTTGACCTGG 300
GAAGACGCCT CATGGGAACG AACTTGGACA GGTGTTGGGT TGAGGCCTCT TCTGCAGGAA 360
GTCCCTGAGC TGAGACGCAA GTTGGCTGGG TGGTCCACAC CCTGGCTCTC CTGCAGGTCC 420
ACACACCTTC CAGGCCTGTG GCCTGCCTCC AAAGATGTGC AAGGGCAGGC TGGCTGCACG 480
GGGAGAGGGA AGTATTTTGC CGAAATATGA GAACTGGGGC CTCCTGCTCC CAGGGAGCTC 540
CAGGGCCCCCT CTCTCCTCCC ACCTGGACTT GGGGGGAACT GAGAAACACT TTCCTGGAGC 600
TGCTGGCTTT TGCACCTTTTT TGATGGCAGA AGTGTGACCT GAGAGTCCCA CCTTCTCTTC 660
AGGAACGTAG ATGTCGGGGT GTCTTGCCCT GGGGGGCTTG GAACCTCTGA AGGTGGGGAG 720
CGGAACACCT GGCATCCTTC CCCAGCACTT GCATTACCGT CCCTGCTCTT CCCAGGTGGG 780
GACAGTGGCC CAAGCAAGGC CTCACTCGCA GCCACTTCTT CAAGAGCTGC CTGCACACTG 840
TCTTGAGACA TCTGCCTTGT GCCTGGCACT CTGCCGGTGC CTTGGGAAGG TCGGAAGAGT 900
GGACTTTGTC CTGGCCTTCC CTTTCATGGCG TCTATGACAC TTTTGTGGTG ATGGAAGCA 960
TGGGACCTGT CGTCTCAGCC TGTTGGTTTT TCCTCATTGC CTCAAACCCT GGGGTAGGTG1020
GGACGGGGGG TCTCGTGCCC AGATGAAACC ATTTGGAAAC TCGGCAGCAG AGTTTGTCCA1080
AATGACCCTT TTCAGGATGT CTCAAAGCTT GTGCCAAAGG TCACTTTTCT TTCCTGCCTT1140
CTGCTGTGAG CCCTGAGATC CTCCTCCAG CTCAAGGGAC AGGTCCTGGG TGAGGGTGGG1200
AGATTTAGAC ACCTGAAACT GGGCGTGGAG AGAAGAGCCG TTGCTGTTT TTTTTTGGGA1260
AGAGCTTTTA AAGATGCAT GTTTTTTTCC TGGTTGGAAT TGAGTAGGAA CTGAGGCTGT1320
GCTTCAGGTA TGGTACAATC AAGTGGGGGA TTTTCATGCT GAACCATTCA AGCCCTCCCC1380
GCCCCGTTGA CCCACTTTGG CTGGCGTCTG CTGGAGAGGA TGTCTCTGTC CGCATCCCCG1440
TGCAGCTCCA GGCTCGCGCA GTTTTCTCTC TCTCCCTGGA TGTGAGTCT CATCAGAATA1500
TGTGGGTAGG GGGTGGACGT GCACGGGTGC ATGATTGTGC TTAACCTGGT TGTATTTTTC1560
GATTTGACAT GGAAGGCCTG TTGCTTTGCT CTTGAGAATA GTTTCTCGTG TCCCCCTCGC1620
AGGCCTCATT CTTTGAACAT CAACTCTGAA GTTTGATACA GATAGGGGCT TGATAGCTGT1680
GGTCCCCTCT CCCCTCTGAC TACCTAAAAT CAATACCTAA ATACAGAAGC CTTGGTCTAA1740
CACGGGACTT TTAGTTTGCG AAGGGCCTAG ATAGGGAGAG AGGTAACATG AATCTGGACA1800
GGGAGGGAGA TACTATAGAA AGGAGAACAC TGCCTACTTT GCAAGCCAGT GACCTGCCTT1860
TTGAGGGGAC ATTGGACGGG GGCCGGGGGC GGGGGTTGGG TTTGAGCTAC AGTCATGAAC1920
TTTTGGCGTC TACTGATTCC TCCAACCTCTC CACCCACAA AATAACGGGG ACCAATATTT1980
TTAACTTTGC CTATTTGTTT TTGGGTGAGT TTCCCCCTC CTTATTCTGT CCTGAGACCA2040
CGGGCAAAGC TCTTCATTTT GAGAGAGAAG AAAAACTGTT TGGGAACCACA CCAATGATAT2100
TTTTCTTTGT AATACTTGAA ATTTATTTTT TTATTATTTT GATAGCAGAT GTGCTATTTA2160
TTTATTTAAT ATGTATAAGG AGCCTAAACA ATAGAAAGCT GTAGAGATTG GGTTCATTG2220
TTAATTGGTT TGGGAGCCTC CTATGTGTGA CTTATGACTT CTCTGTGTTT TGTGTATTTG2280
TCTGAATTAA TGACCTGGGA TATAAAGCTA TGCTAGCTTT CAAACAGGAG ATGCCTTTCA2340
GAAATTTGTA TATTTTGCAG TTGCCAGACC AATAAAATAC CTGGTTGAAA TACAAAAAAA2400
AAAAAAA CTCGAG

```

2416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```

CTATTCCAGT CAATCATGTC GAGTCACTGG ACTCTGAAAA TCCTATTGGT TCCTTTATTT 240
TATTTGAGTT TAGAGTTCCC TTCTGGGTTT GTATTATGTC TGGCAAATGA CCTGGGTTAT 300
CACTTTTCCT CCAGGGTTAG ATCATAGATC TTGGAAACTC CTTAGAGAGC ATTTTGCTCC 360
TACCAAGGAT CAGATACTGG AGCCCCACAT AATAGATTTT ATTTCACTCT AGCCTACATA 420
GAGCTTTCTG TTGCTGTCTC TTGCCATGCA CTTGTGCGGT GATTACACAC TTGACAGTAC 480
CAGGAGACAA ATGACTTACA GATCCCCCGA CATGCCTCTT CCCCTTGGCA AGCTCAGTTG 540
CCCTGATAGT AGCACGTTTC TGTTTCTGAT GTACCTTTTT TCTCTTCTTC TTTGCATCAG 600
CCAATTCCCA GAATTTCCCC AGGCAATTTG TAGAGGACCT TTTTGGGGTC CTATATGAGC 660
CATGTCCTCA AAGCTTTTAA ACCTCCTTGC TCTCCTACAA TATTCAGTAC ATGACCACTG 720
TCATCCTAGA AGGCTTCTGA AAAGAGGGGC AAGAGCCACT CTGCGCCACA AAGGTTGGGT 780
CCATCTTCTC TCCGAGGTTG TGAAAGTTTT CAAATTGTAC TAATAGGCTG GGGCCCTGAC 840
TTGGCTGTGG GCTTTGGGAG GGGTAAGCTG CTTTCTAGAT CTCTCCCAGT GAGGCATGGA 900
GGTGTCTCTG AATTTTGTCT ACCTCACAGG GATGTTGTGA GGCTTGAAAA GGTCAAAAAA 960
TGATGGCCCC TTGAGCTCTT TGTAAGAAAG GTAGATGAAA TATCGGATGT AATCTGAAAA1020
AAAGATAAAA TGTGACTTCC CCTGCTCTGT GCAGCAGTCG GGCTGGATGC TCTGTGGCCT1080
TTCTTGGGTC CTCATGCCAC CCCACAGCTC CAGGAACCTT GAAGCCAATC TGGGGGACTT1140
TCAGATGTTT GACAAAGAGG TACCAGGCAA ACTTCCTGCT ACACATGCCC TGAATGAATT1200
GCTAAATTTT AAAGGAAATG GACCCTGCTT TTAAGGATGT ACAAAGTAT GTCTGCATCG1260
ATGCTGTGAC TGTAATTTT TAATTTATCA CTGTACAAAG AAAACCCCTT GCTATTTAAT1320
TTTGTATTAA AGGAAAATAA AGTTTGTGTT GTTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1380
AAAAAAAAA

```

1388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2416 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

```

GTCCCTGGCG CCCTGCCTTT AGCCGTGGGG CCCCCACCTC CACCCTCTGG GTTTCCTAGG 60
AATGTCCAGC CTCGAGAGAC TTCACAAAGC CTTGGGAGGG TGATGAGTGC TGGTCCTGAC 120

```

```

TCACAGGGGAC TCTGGTGTCA CAGTGAACGG AGAGTTAATT GGGGCACCCG CCCCTCCAAA 240
TGGCCACAAG AAACAGCGCA CTTACTTGCG CACTATCACC ATCCTCATCA ACAAGCCAGA 300
GAGATCTTAT CTCGAGATCA CACCGAGCAG AGTCATCTTG GATGGTGGGG ACAGACTGGT 360
GCTCCCCCTGC AACCAGAGTG TGGTGGTGGG GAGCTGGGGG CTGGAGGTGT CCGTGTCTGC 420
CAACGCCAAT GTCACCGTCA CCATCCAGGG CTCCATAGCC TTTGTCATCC TCATCCACCT 480
CTACAAAAAG CCGGCGCCCT TCCAGCGACA CCACCTGGGT TTCTACATTG CCAACAGCGA 540
GGGCCTTTCC AGCAACTGCC ACGGACTGCT GGGTCAGTTC CTGAATCAGG ATGCCAGACT 600
CAGAGAAGAC CCTGCAGGGC CCAGCCAGAA CCTCACTCAC CCTCTGCTCC TTCAGGTGGG 660
AGAGGGGCCT GAGGCCGTCC TAACAGTGAA AGGCCACCAA GTCCCAGTGG TCTGGAAGCA 720
AAGGAAGATT TACAACGGGG AAGAGCAGAT AGACTGCTGG TTTGCCAGGA ACAATGCCGC 780
CAAACCTGATT GACGGGGAGT ACAAGGATTA CCTGGCATCC CATCCATTTG ACACAGGGAT 840
GACACTTGGC CAGGGAATGT CCAGGGAGCT CTGAAGCTGG CAGCCTTAAA GATGCAAGTG 900
CATGAAGGAC AGTGATGTGG GGAGGCCGTG GGGCAGCTCT TTTTCATGGCT TGTACACGCC 960
TCAGCTCCTG GCAATTAGCT GGACTCCATG ACCCACCCTT GGTGCAGCAT AGATCCGACG1020
TCTGTCTGGG CGAAGGGTAG GGGTGGGTAG GGGCGGGAAG CCTGAGTGCA AATGTCATTT1080
CCCTCTACTG CCTCTTCCTG CCTCTCCCCA CCCTGCCCCA ATCCACAGAG GGGAGAGAAG1140
GGTCATAGCT AAATGCAACA AAGTCTGTAT CTTGTCCCAA CCTGCTTTTC TGTTCTGTTA1200
GCATATCATA AAGTAAGCCT TTCTGGTGAA GGAAGGTTGC TATGAACTT TTTTCTTGG1260
TGGAAATGGC CAAGTTTAGG CACTCTGCTT TTTGCCTTAC ACTAATGCTT AGAAAGCTGT1320
CTTTTCAGTG GTGTTGCAGC CCCCAGATGT GTGGCCAACC TCTGCTGCAA AGGAATCTCT1380
TGCTGAGTCC AGGCCACCAA TCAGGCAAAT AGCCCATAA TTTGATCGTT GTAAACCATG1440
AAGTCTTTTC TTGCAAGACG TTTTCTTCT GCTGTGGTAT CTTGCCCTTA AAAATTAGTT1500
TTCATTAATA AGAAATTTGA TTGAAAATAA AAAACCGGAA TGGAAAAAAA ATTGTTTT 1558

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1388 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

```

CGGGGTTTAC TGTGTTGGCC AGGCTGGTCT CGAACTCCTG ACCTCATGAT CTGCCCCGCT 60
CAGCCTCCCA AAGTGCTGGG ATTACAAGTG TGAGCCACCA CACCTGGCCT GGAAGGAACC 120
TCTTAAATC AGTTTACGTC TTGTATTTTG TTCTGTGATG GAGGACACTG GAGAGAGTTG 180

```



```

TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCCTACAA 1320
CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAACCTTTCAA GAAAGGATAA AGATTAACAA 1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATAACAAT ATGGGCAATG GTCTTTCAGA 1440
GGAAAGGGGA AACAACTTCA ATCACATCAG TCCCATTCGG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC 1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGAATCCTTG 1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC 1620
CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA 1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA 1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA 1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA 1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA 1920
GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCCTCA 1980
TGAAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA 2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC 2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT 2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAATAAGAA GCATTTGCAA 2220
ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTTATTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG 2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCCAAAAAGC 2340
TGGGGAAAAC AAATGTGTAA CTTTTCAGT TACTTGACAC GATTCAGTGG GGGAAAACCA 2400
GCATTTTTT TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT 2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAAGTGG CATTGTAATT TTGATGATAC 2520
AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA 2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA 2640

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1558 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

```

GCGAGGAGCT GGCACGCAGC CAGGGCCTTT GCTCAAGAAG CCATACCAGC CAAGAATTAA 60
AATCTCTAAA ACATCAGTGG ATGGTGATCC CCACTTTGTT GTGGATTTCC CCCTGAGCA 120
ACTCACCGTG TGCTTCAACA TTGATGGGCA GCCCGGGGAC ATCCTCAGGC TGGTCTCTGA 180

```

```

TTTCTATGTA GTGTGATTAA TGCAATACAT ATTATAGTTA TCTATACACA GTGTAAGATT4020
TAACAAACTG AAATGATCCA CCTCATATGT GAGTCCGTCC AAAAGATGTT ACTGCTCTGG4080
GTGGGCCAGT GTTCTATATC GGTATACTA ACTTTCATTT AAAGTATTTA TTCTAAATG4140
CCTCTGAGAA ACAGTAAAAA ATAAAAACAA CAAGTTGTCT AAAATGCAAC AGCTTTTATA4200
GTAAATGTAC ATTTATAAAT AAAATACTCA AATCAAAAAA AA 4242

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

```

CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA ACACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
CCTGGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180
GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTC 240
AAACTTGTCA GTCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCAGC ACACCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTTCT CCCTGCTTCT CTTCTGTCAC 420
CCCCGCTCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAACT AAAGCACCAG CATTTGAAGA AAAAGGCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
ACCAGATCCA GGTCTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
CTAGGTAAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT1020
TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGAAAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
CGATGGCCTG GCACCAGTTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAACTC1260

```

ACAGGAACAG GAACGTTTGC TCCAGGAGAG ATACCAGAAG GAGCAGGACA AGCTGAAAGA 600
AGAGTGGGAA AAGGCCCAA AGGAGGTGGA AGAGGAAGAA CGCAGATACT ATGAGGAGGA 660
GCGTAAGATA ATTGAAGACA CTGTGGTTCC ATTTACTGTT TCTTCAAGTT CCGCTGACCA 720
GCTGTCTACC TCTTCCTCCA TGACTGAAGG CAGTGGGACA ATGAATAAGA TAGACCTGGG 780
AAACTGTCAA GATGAAAAAC AAGACAGAAG ATGGAAGAAA TCATTCCAGG GAGATGACAG 840
TGACTTATTG CTGAAGACTA GGGAAAGTGA TCGACTGGAG GAGAAGGGCA GCCTAACTGA 900
AGGGGCCTTG GCTCATTCTG GGAACCCTGT ATCAAAAGGA GTCCATGAAG ACCATCAGCT 960
GGATACCGAG GCTGGGGCCC CACACTGTGG AACAAACCCA CAGCTTGCTC AGGATCCATC1020
CCAGAATCAG CAGACATCAA ATCCAACGCA CAGTTCAGAA GATGTGAAGC CAAAACCCCT1080
CCCGCTGGAT AAAAGCATT AACCATCAGAT CGAGTCTCCC AGTGAAAGGC GGAAGTCTAT1140
AAGTGGAAAG AAGCTGTGCT CTTCCTGTGG GCTTCCTTTG GGTAAAGGAG CTGCAATGAT1200
CATCGAGACC CTCAATCTCT ATTTTCACAT CCAGTGTTC AGGTGTGGAA TTTGTAAAGG1260
CCAGCTTGGG GATGCAGTGA GTGGGACGGA TGTTAGGATT CGAAATGGTC TCCTGAAGT1320
TAATGATTGC TACATGCGAT CCAGAAGTGC CGGGCAGCCT ACAACATTGT GACACGGCTT1380
TCAAGCTTCC GGATCACTCA CCATTTCTTT ACTGAGAGTG TCCCCTGGCA ACTGCTTAAC1440
AAAATCCCAA GCTCAGGGGC TTCTCAGCAT TTACCTAATT TCTGAAAGGC TCTTCTGAAA1500
GGTGGTATCT GTTCTTTCGT AGCACAGTGT TTATGTTTTT CCTGTTTTATT GTTTTGGGTT1560
TTTGTTTTTT TTTTTCGATT TGCACAGTAT ACACAAAAGA ATATGGGGTT GTAATGATCC1620
TGAATAGCTC AAAAAAGGTT TTAGCATGGT CAAACAGGCT TATGGTTTAA AATGTGTTAT1680
TCTCTTCTTT GGGAAATTAGC TAAATGATGC AATAAACCTG TTTTGTTTTA GAATGTCTAG1740
GAATTAACA CTTTATGTTT ACAGAATTGA GCTGCAGAAA GTGCAAGACA TGCCAATTTG1800
AGACACACGG TCTTCTAAGA CTGAAGGATA AATTTAATGC ATTTCAGAAA CTAACATCA1860
CAGCAAGCTC TATCTCTGAG CTATAATTTG TTTTAAATGC AAAGACACTA GTTTGATAAT1920
ATATACTGTA ATCCTGAAAC ATTTGTGTTA CTTACCTTTG GAGGTAGAAA TTATACCAAT1980
AAATTATTGC ACCGTTAGTA TTAGATTCTG TGTACCTTGG AAGTTATGTC ATTAATATAG2040
GCTGGTTCAT CAAATAAAGC AAAACCTTGC AATATCAGCT AGATTTACAC TCCGGGACGT2100
TGCCCAAAGG TAGGAAGAAA GCAGAGGGAA ATATTTTCAGT CATCATTTCC AAAGTCATTA2160
TCAAAATCTG TGAGGAAGTT TAATCTTCCA AAGAGTCAAT GTCAGACATC AGGCCTCTGT2220
TGCCTGCTTC TCTCGAGGCA CTAGATTAGG AGTCTTCAAT AAGAGACTTA ACATGAGGTA2280
TATGGAAGAT GAGGCACCGA GATAAGTTCA TCATTAGGTG TGAGCACTGC TCACCCTTGC2340
TGGCAAGTTC TCCTTAAGGG CCTGAAGCAC AGGTGTCCAA AGAAAAGCGT TAAGTCCATC2400
TTAATAGAAT CTATGTGGTA TATGATGTGG TCAGCCCCTG GTCTGTGATC AGCAAGAACC2460
TACAGCACAG ATTATGCCCT GCCCACTTCA ATGAATACCT ACTCTCCTCC ATTCTCCATC2520
ACTTTTTTTG CTATCAAGAA CTCCGGACCT TGCCCATGGA GAAGTTTAGA GAGGAACTCT2580
TGTGGAGAGC TGGTTTATTT TCTGCCCTGT GCGACGAGTT TCAGCTGGCC AAGAAAGGAG2640
TCAAGTTATT AAAAAGCATC ACAATGTAGA TCTCCAGGCT GGTTTTTTGT TTTTGTGT2700
TAAGACTGGG GAAAGGGGGA CTATTTATTC TGCCTTAAAT CAATGGCAA TAAGTCAAGA2760
TGACATTTTG TGAATGTAGA CTATGGATAC ACTCCTAATA GATTGATGTA GTCATAAAAG2820
GGGGTCAAGT AGATGTTTTT CTGTTATGTA AGCAATAATT TTTCCGTGTC TTATTGAGTA2880
TGGCTAGCGA TTATTTATTA CATGCTAGAT GGGTCTTTG CATGTGGGTT CCATATAGGT2940
GCAGAAATTT CCTCAGCCAC TGGAGGGATT TCGACCATAT TTGTCATTTG GATGAGCTGT3000
TATTAGATTG AAATCTACAC ATCATTTTAT TAAAAATTGT GCCTTAGAAA ACGCAAAGCT3060
GTTGCACATG GCGATAAATT ATGGATGCAG TACATTGAAG AGAGATGAAG TCACTTCCAA3120
GTTTCCAAGA CTTCTCATGG AGGTGTTTGC TGTTTTACAG GAAAAAATAA AAATAAAAAA3180
AGAAAAAATA GAGAAAAAAT TAAATTCAAA AATTGTTTTG AAAATGTACA GATCAAGTCC3240
AATATTTTGA TTATCCACCT GCATGTTTTA TTAAATATTT TGATAATGTG GATGTTTACA3300
CTTTGCATGA TATTAGCAGA GTACCACTAG TAATGCACAA ACATGTACAA TATGGTCATT3360
CATAACCGAT TTTTATAGAA TACTTTTTTAC ATGTGCAACT CCATCCGTTA TGTAAGGATT3420
ACATGAATAT TGCACATTCC CTCTGGGTTT CACAAACCCA TTTATACATA TTTCTTAGTG3480
AGGCTCATTG TACATGTATT GAAGCTAGAA TCGAGTCAAG AAAAATAAAG CCCCATTTCTC3540
CAACTGCAAA ATGTGCTTTC CCATAATGAA CACTAGTCAC CAGCACAGAA TAATCTCCAA3600
CATTTTCTAA ATTCTAATTG CCAACTGTTT CTATTTATAT TTGATTTATA TTTCATTTGG3660
AGTCTGTTAC ATGGCAGCTT AGGCAGACTA GATCTTGTTT TTTCCAATGC AGCATAATGA3720
GTATGATCTA TTTCTTTTCA AATAATCTTT GAGATCCCAG GAAAAAATAA ATGCTCTGCT3780
CCATTGAGCT ATAATGTAAA TGTGTTTGT TAAAAACAG GTGAGGCAAG TGAGTGATTT3840
ATTGTTCTG AGGAAGTATA TCTGATTTTT TTTCTCATAC TCCAAAAGCT AGTCCCTACT3900
CTTTAATAAA AATAATGGGT AACTTTTTTGT TTTTCACTAG CGAACTTCCA TGACATTTCC3960

```

ATGTTTATCA TGGATGGCTA CTAATACCAA GCTCATGATT GTTGCAGCCT CAACGTCTTA1860
GGCAGTAAAA CTTGTCTGCA GCACTAAAGG GGGAGAAACC CTTATATTTT GCAAACGTCT1920
CATTCGTTAA ATTTATTGTA ACCTAATACC AAAAAGTACC GTTTTTCATA TTATTTCCCC1980
ACCTCCTACT TTTTTTGTTC TTTTTTGCTA CTTGTAAAAA AACCCCTTCT AGAAAATAAG2040
CATTAACTGG AATGTTTCAA ACAATTTTGC TTCATTTTAC TATCAGCCAC TAGTGAAGTC2100
TTACAGAGAT GTACATTTAA GATAAAATTA GCTTGTGCTA AGTGTTTTAA AAACATTGTT2160
TACTGTTAAA GGGGAATTGC ACATTATATT TAACTGGGAT TGCTCCCTCC CTCAGTTCTT2220
TAAAAAACAA GAGTCAAGGC TCACACCAAC TTGTAGGCTG TGGGAGCTTT GCCATAGGTA2280
GATACAATGT AGAAGTATAC TTTTAAAG CATGAAGAAG ACAAGGAAC TCATTATAAT2340
GTACCAGGTA GAGGACATTA TTATTCAAAG GATTATGCAC AGCTCAGTGA AGATGAAGTT2400
ACAATTTTTC TCGCAGCTTT GTTGCTATTA TTTTCTTCTG CATAAATGTA TGCTCATTTT2460
ATTATGTGCC TTGCTCCCTG ATTGTGCAAA GCTATATATA TATATATATA TATAGATAGA2520
TAGATAGATA GATATATGAG AGAGATATAT TCAGTACTAC TGAGGATGTT TTTCTGAGGA2580
TGTTTTTGTG CTGCTGGATT AAGTTATTTT CCAAGTTACT CTTGCCAGTT ATGTCAGTAA2640
ACTATTGTAA TGGCTTAGCA CACTAGTCGT ACAGTCAGTG TAAATGTTTT TCATTTACAT2700
GTTTTTCATTA TATCAGCTTA TCAAATCCTT AATAAAAAAA ATTCATAGAT TTCATTTAAA2760
CAAAAAA
2770

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4242 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

```

GGCCATTGAC CCTAGAGGTG AAACCGAAGC TCTGATGGAC TCTCACAGCT GGAGATGAAA 60
ATACGAGTTA TACACGGAGA ATGCAACCAC TGAGAAAACG GAACCGAATA GTCAAGAGGA 120
CAAGAATGAT GGTGGAAAAT CAAGAAAAGG GAATATAGAA CTTGCCTCAT CAGAACCACA 180
GCATTTTACA ACAACTGTGA CTCGATGCAG CCCGACCGTG GCCTTTGTGG AATTTCCCTC 240
CAGCCCCCAG CTGAAGAATG ATGTGTCGGA AGAAAAAGAC CAGAAGAAAC CAGAAAATGA 300
AATGAGTGGA AAGGTGGAGT TGGTGCTGTC ACAAAGGTG GTAAAGCCAA AATCTCCAGA 360
ACCCGAAGCA ACGCTGACAT TTCCATTTCT GGACAAAATG CCTGAAGCCA ACCAACTACA 420
TTTGCCAAAT CTCAATTCTC AAGTGGATTG TCCAAGCAGT GAGAAGTCAC CTGTTATGAC 480
ACCTTTTAAG TTCTGGGCAT GGGACCCAGA AGAGGAGCGC AGGCGACAGG AAAAATGGCA 540

```

ESTs durch Assemblierung und Editierung

: SEQ ID NO: 165

```
CAC TCTATGCTTA GAGTTTTGGC ACCAATGCTG 60
AAT AACTTATGGT TTATTAGATA TTCTGTATTG 120
CAG ATGCTTTCTT TCCCCCCTT AGACGCTGTA 180
AAG GTTTTTACAG ATACCCACCT TAGTTGTAAA 240
TTA AATGAAAATG TGGAAATGTTA AGTTACAAAA 300
AGT AAACATGGCG TTTTATAGTC CTCTAAAATC 360
TCC TGCAAAGGGC TGTGAACTAT CTTGGTGAAC 420
TTT CTTGTCACTG AAAACAAACA ACGCTGAGTT 480
ATA ATAATTCCAA CCAAGTGACA ACTCTGACAT 540
TTC AAGTTTTATT TGCTGCTATT CTGGGAGAAT 600
AAA CTTGTATCGA GGAAATCCAT AAAGTTATAA 660
GGT GTGGATTGGC CTGCTTTGAC TCTCAGCCAC 720
CTC AGCTAAAAGT AATTTTGTTA TAAACACAAA 780
TCC TATTTTTGTA CATTACCAA AGTTTTTCAT 840
TGA TTTAATCCAC TCAAGTTTAG ACCAGTTAAA 900
GTG ATGCCTTGCT TTTCATAAAA TAGGTATAAT 960
CTG TTTCTAGGGG AAGAAAACCC TTTAGATTGC 1020
ATA TACACTTTAC ATTTGTATAA ATTATGCAGG 1080
ACC TCTCACAAG TTGAGATTTG ATCCAAAGAG 1140
CTT ATTATCTTTT AAGGTTTTTT TTTTTTTTTG 1200
CCA GGCTGGTCTC AAACCTCTGG CCACAAGTGA 1260
TGA GATTACAGGC ATGAGCCACT GTACCCAGCC 1320
TTC TACACCTTTA TCCCTCAAAT AAAACAAGTG 1380
TCT ATATGTAAAA GAAATCTGAA ATTTAGCTGT 1440
AAA ACATACATTT CTCCAGTTGG TTTGCTCTTT 1500
AGA GAAAATACTT GCTGTAAACC CCCAGTGCCT 1560
AGA AATCCAGCAA GCAAACCTTG AGGTGCTAAT 1620
TTT TGGCAGAAAT GAAAAGTGTC TCACAAGAGA 1680
CTT TCTACCAAAG ACATTTAGAG AAGAAGTGAA 1740
ATA TTTTATAGAT GGTTAAGTTG AGAATTAATT 1800
```

ATTATTGAGG CTGATGTAAA AAAAAAA

1107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

| | | | | | | |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------|
| GTGAATATGT | GTGTATATGT | GTGTGTATGT | GTGTGTGGGG | TTTGGGGTAG | AAGGGAGGGA | 60 |
| GGGGGCAGGA | CAGTGTGGAA | TCTCTAGGGT | GTATGGGTAG | GTAGGGGGCA | CAGTTAGTTC | 120 |
| TAAGTGGGCT | TTTATGCTAA | AAGCCTCTGG | GGATATCTGT | TTTGAAAATA | AAGATAGGTG | 180 |
| TCCCCTCCTT | GCTGTCATCT | AGCCCAGACA | CTCTGCTTGC | TCTCTGGCTG | TCTGCTCCCT | 240 |
| GGGAAGGCTT | TAGGAGGACC | ACCCAGGACA | GGATGACCAT | GCTGCCATCT | GCTCTGGAGC | 300 |
| TGGGTCTCAG | TGCAGAGGGA | CAGTGACTGT | GGATGGTTGC | AGTCTCTGGT | GGGAGGTGAG | 360 |
| GATAGAAGTG | ATAAAGAGCT | AAGAGGAGCT | TCTGGGAGCC | TTGGAGGAGG | TCAGTCTTGC | 420 |
| AGTGGTGAAG | CCAGGACATA | GGAGATGGAG | CAGGGCTGTG | AGAGGAGGAG | ATTCTGAGGA | 480 |
| GGATGCAGGG | GAAATCTTGT | CTGTTAATGA | AATAGGGGTG | GGGTGGGGTT | TGGGGTGGGG | 540 |
| TGGTCATTGC | CGTTTGAGCT | GCTGATTTTC | ATGAGTCGCC | TTCAAAACTC | TCGTGTAGGG | 600 |
| TTGACAATGT | GGGGGGGTGG | GGGATCCAGC | TTATTCTTTT | ATTTTCAAGT | CCATTCTTGG | 660 |
| GGCTGGTGGG | GAGGCAGGAG | AATACCCCTC | CCTAAGCCCT | TAGTGTGTGC | CGAGCTTGCT | 720 |
| TTGTGATGTT | GGCAGGGGAG | GGGAGACCTG | GGTGGTGA | GAGTTCCCTT | TATCAAACCC | 780 |
| TTCAATGGGC | ACAAAATTGA | GTGCTTGATT | TTAGGTTTTA | TTTTTTTATG | AATGTCCAAA | 840 |
| TCTGTGTTTC | CCCCTGCCCT | CCCAGACTGT | GTGGCCAGTT | GAAAGTGTCT | GGTTTGTGTT | 900 |
| CATCTCTCCC | TCATTTCTGG | AGCAGGGCCT | GAGACCCTGC | CACATCTCCT | ATGCTCTGCA | 960 |
| TCCACGCCTC | TTTTGGACAT | TAAAGGTTGA | TTGATGCAAA | AAAAAAATAC | AACGGGGTGG | 1020 |
| CTTGGGGAAG | CCTGGGGTTG | GCCGGCTTAT | GGGGTTGCGG | CG | | 1062 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

GTGTTGTGTA GAGAATAGGA CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA1680
AGAATGGATG TGGTTCTTCT TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAAACAAAG1740
ACCATAAGCA TCATTTAGCA GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG1800
AGTAACATAA CAGTATTACC CTTTCACTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC1860
TTATTTATGT AGTCACTGTA TTTCTGGATT TTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA1920
AATCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAGTCGACC GGCAGCGAAT TTAGTAGTAG TAGTAGTAGT1980
AGTAGGC
1987

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1107 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

```

GGGCCGGGCA GCCCAGCTGA AGGCAATAAG CTGGGCTCAC CGCTGCAGCA GAGTTCTGTG 60
CTAGCCGGGC ATAGGGGCGA GAGAAGGCCG AGAGGCGACG TCAGAGAGAA GCAACTGCGC 120
CCCGGTGAAG AGAAGCTCGC CCATCACCGG CTGGGAGCCA GCTTTCAGTG AAGATGGCAG 180
GGCCAGAACT GTTGCTTGAC TCCAACATCT GCCTCTGGGT GGTCCACCC ATCGTTATCA 240
CTCTTCGTAG ACATGATCCG CCACTACGTG TCCATCCTGC TGGAGAGCGA CAAGAAGCTC 300
ACCCAGGAAC AAGTATCTGA CAGGGGACGA GGCACCCACA GTCCCTCTCC CATAAGCCTG 360
CCAAGAAGAT TGATGTGGCC CGTGTAACGT TTGATCTGTA CAAGCTGAAC CCACAGGACT 420
TCATTGGCTG CCTGAACGTG AAGGCGACTT TTTATGATAC ATACTCCCTT TCCTATGATC 480
TGCACTGCTG TGGGGCCAAG CGCATCATGA AGGAAGCTTT CCGCTGGGCC CTCTTCAGCA 540
TGCAGGCCAC AGGCCACGTA CTGCTTGGA CCTCCTGTTA CCTGCAGCAG CTCCTCGATG 600
CTACGGAGGA AGGGCAGCCC CCCAAGGGCA AGGCCTCATC CCTTATCCCG ACCTGTCTGA 660
AGATACTGCA GTGAAAGCCC AAGTCCTTGG AAGCTTTCCC CAGTGAAGGA CTGACTGGGG 720
GCCTCACGCT TAACTGGTAG TGCCCACAAG CCTGGCAGCT GTAGAGCCGC GAACCTCCCC 780
ACACCTCCCT CACCGCGCAG GACCCTGAGT GAGGAGGAGG AGCTGGAAAC CTGGGGTGGG 840
TTGGCCAAAG GAGAACCTCA AGCTCCTGGC CTGATCCAGC TCCTTCCTGC CCAAGGCAGC 900
TTAGCCCATC CAGACTGGTC CTGAAGTCTG TCCCTCCATT GGCATGAAGT CTGCCCCCTA 960
GCAATCCGGC CTCGCAGGCT GTACTTTCAT GGTGCTCTCT ACCTTCTGGC CCCCATCCCG1020
GAACATTCTT GAGTGAATTC GCAAGCGCAC TAGCATGTGA TATTAGGGAG TTTGCAATAA1080

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

```
CTTTGAATTT TAGAATGTCA TGTGTTCTTT TAAAAAATT AGCTCCCCAT CCTCCCTCCT 60
CACGCGCTCC CTCCCTCCTT CTCTCTCTCT CTCTCTCTCC CTCTCTCACA GACACACACA 120
CACACACACA CACACGCACA CGCAGTCCA CACTCACATT AAATAAAGC TTTATTTGAA 180
GCAAAGCTAG CCAAATTTCT ACGTTACTTT TCCCTTGACT GGATCCCAAG TAGCTTGGAA 240
GTTTTTGTGC CCAGGAGAGT AAATAACTGT GAACAAGAGG CTCTGCCCTT AGGTCTTTGT 300
GGCTGTTTAA GTCACCAACA ATAGAGTCAG GGTAAAGAAT AAAAACACTT TCATAGCCTC 360
ATTCATTCAC TTAGAAGTGG TAATAATTTT TCCCTAATGA TACCACTTTT CTTTTCCCCC 420
TGTACCTATG GGACTTCCAG AAAGAAGTTA AATTGAGTAA AATCATCAGA AACTGAATCC 480
ATGTAAGAAA AAATAATTGT TGAAGAAAGA AGTTGATAGA ATTCAAAAAG GCCATCTTTT 540
TGCTTTCACA TCAATAAAAT TTACCAAGTA ATAGATCAGT ACTCACTAAT ATTTTGTAGA 600
CCATAGTTGT CTGGTCAGAA AAATTATATT AAATTAGTAA ATTCTAGAAG CTCTTTAAAA 660
GGGAAGTTTT CTTTCTTCTC CAATTATAGG AGTTGATTTT TACTTTGCAA AGTGGCTCGG 720
TCCTCATGAG CATCTGCATG TTGACTCTTC AGTTAAGAAA ATTGTTGTTC ATTTAGGGAG 780
GTGGATATTC TGATGAAGAT CTTTATCCTA AACCTTCCTA CTATCCTTGT CTTATTCATC 840
AAGCAGATAT TTTAGTCAAG AATTCCAGAG AAGGCTGCTC CTAAAATGTC TACTTGCAGC 900
CCAATACCAG AGCATAAACT ATCCATTCTG GGGTCTGGCT TTAGAAATCA TCTTTGTGGG 960
AAGACCTAAT TCTTCACAGC AAGGATCTCA GGCATGCCTT CTAGATTTGT TCCCTCTGAG 1020
GGGCAGGAAT GAACTGTAGA AATGTTTTAA GGACCCAGAA ACCCCATATG TCTCATTCCA 1080
TGACTATAGG TGAGAGAATT CTTTCCTAAG AGGGTTTGAT ACCAATAGGG GAAAATGTAA 1140
AATGTTTCACT CTTTATGACA ACCTGGCATA AAGGAGTCAA TTCTTATGAA AGAGACACAA 1200
GGGCCTTATG GCCAGGGTTT CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC 1260
CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAAT 1320
GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT 1380
CCATAATGTG GAGACTAGTA ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG 1440
ATTCATCCCA AAGCCTTCCC ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG 1500
CAGAGAGTTT CCCTAGATAT ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG 1560
CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTGTT 1620
```


(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

| | | | | | | |
|------------|-------------|------------|------------|------------|------------|------|
| GCGGGTGACG | CGACGACGGC | TCGACACTTT | GCTACGGAGT | GCATCGGACG | TCGAAGCCTA | 60 |
| GAGTCTCTGC | GTCTTTCCCT | CTTCCGCTGC | CTCATTCCTT | TCCTTCCTAG | CCTTGGTCGT | 120 |
| CGCCGCCACC | ATGAACAAGA | AGAAGAAACC | GTTCTAGGG | ATGCCCGCGC | CCCTCGGCTA | 180 |
| CGTGCCGGGG | CTGGGCCGGG | GCGCCACTGG | CTTACCACG | CGGTCAGACA | TTGGGCCCCG | 240 |
| CCGTGATGCA | AATGACCCTG | TGGATGATCG | CCATGCACCC | CCAGGCAAGA | GAACCGTTGG | 300 |
| GGACCAGATG | AAGAAAAATC | AGGCTGCTGA | CGATGACGAC | GAGGATCTAA | ATGACACCAA | 360 |
| TTACGATGAG | TTTAATGGCT | ATGCTGGGAG | CCTCTTCTCA | AGTGGACCCT | ACGAGAAAGA | 420 |
| TGATGAGGAA | GCAGATGCTA | TCTATGCAGC | CCTGGATAAA | AGGATGGATG | AAAGAAGAAA | 480 |
| AGAAAGACGG | GAGCAAAGGG | AGAAAGAAGA | AATAGAGAAA | TATCGTATGG | AACGCCCCAA | 540 |
| AATCCAACAG | CAGTTCTCAG | ACCTCAAGAG | GAAGTTGGCA | GAAGTCACAG | AAGAAGAGTG | 600 |
| GCTGAGCATC | CCCAGGTTG | GCGATGCCAG | AAATAAACGT | CAGCGGAACC | CACGCTATGA | 660 |
| GAAGCTGACC | CCTGTTCCCTG | ACAGTTTCTT | TGCCAAACAT | TTACAGACCG | GAGAGAACCA | 720 |
| TACCTCAGTG | GATCCCCGAC | AAACTCAATT | TGGAGGTCTT | AACACACCCT | ATCCAGGTGG | 780 |
| ACTAAACACT | CCATACCCAG | GTGGAATGAC | GCCAGGACTG | ATGACACCTG | GCACAGTGAG | 840 |
| CTGGACATGA | GGAAGATTGG | CCAAGCGAGG | AACACTCTGA | TGGACATGAG | GCTGAGCCAG | 900 |
| GTGTCTGACT | CCGTGAGTGG | ACAGACCGTC | GTTGACCCCA | AAGGCTACCT | GACGGATTTA | 960 |
| AATTCCATGA | TCCCGACACA | CGGAGGAGAC | ATCAATGATA | TCAAGAAGGC | GCGACTGCTC | 1020 |
| CTCAAGTCTG | TTCGGGAGAC | GAACCCTCAT | CACCCGCCAG | CCTGGATTGC | ATCAGCCCCG | 1080 |
| CTGGAAGAAG | TCACTGGGAA | GCTACAAGTA | GCTCGGAACC | TTATCATGAA | GGGGACGGAG | 1140 |
| ATGTGCCCCA | AGAGTGAAGA | TGTCTGGCTG | GAAGCAGCCA | GGTTGCAGCC | TGGGGACACA | 1200 |
| GCCAAGGCCG | TGGTAGCCCA | AGCTGTCCGT | CATCTCCCAC | AGTCTGTCAG | GATTTACATC | 1260 |
| AGAGCCGCAG | AGCTGGAAAC | GGACATTCGT | GCAAAGAAGC | GGGTTCTTCG | GAAAGCCCTC | 1320 |
| GAGCATGTTT | CAAATCTCGT | TCGCTTGTGG | AAAGCAGCCG | TTGAGCTGGA | AGAACCTGAA | 1380 |
| GATGCTAGAA | TCATGCTGAG | CCGAGCTGTG | GAGTGTCTCC | CCACCAGCGT | GGAGCTCTGG | 1440 |
| CTTGCTCTGG | CAAGGCTGGA | GACCTATGAA | AATGCCCAGC | AGGTCTTGAA | CAAGGCGCGG | 1500 |
| GAGAACATTC | CTACAGACCG | ACATATCTGG | ATCAGGCTG | CTAAGCTGGA | GGAAGCCAAT | 1560 |
| GGGAACACGC | AGATGGTGGA | GAAGATCATC | GACCGAGCCA | TCACCTCGCT | GCGGGCCAAC | 1620 |
| GGTGTGGAGA | TCAACCGTGA | GCAGTGGATC | CAGGATGCCG | AGGAATGTGA | CAGGGCTGGG | 1680 |
| AGTGTGGCCA | CCTGCCAGGC | CGTCATGCGT | GCCGTGATTG | GGATTGGGAT | TGAGGAGGAA | 1740 |
| GATCGGAAGC | ATACCTGGAT | GGAGGATGCT | GACAGTTGTG | TAGCCCACAA | TGCCCTGGAG | 1800 |
| TGTGCACGAG | CCATCTACGC | CTACGCCCTG | CAGGTGTTCC | CCAGCAAGAA | GAGTGTGTGG | 1860 |
| CTGCGCGCCG | CGTACTTCGA | GAAGAACCAT | GGCACTCGGG | AGTCCCTGGA | AGCACTCCTG | 1920 |
| CAGAGGGCTG | TGGCCCACTG | CCCCAAAGCA | GAGGTGCTGT | GGCTCATGGG | CGCCAAGTCC | 1980 |
| AAGTGGCTGG | CAGGGGATGT | GCCTGCAGCA | AGGAGCATCC | TGGCCCTGGC | CTTCCAGGCC | 2040 |
| AACCCCAACA | GTGAGGAGAT | CTGGCTGGCA | GCCGTGAAGC | TGGAGTCCGA | GAATGATGAG | 2100 |
| TACGAGCGGG | CCCGGAGGCT | GCTGGCCAAG | GCGCGGACAG | TGCCCCACC | GCCCGGTGT | 2160 |
| TCATGAAGTC | TGTGAAGCTG | GAGTGGGTGC | AAGACAACAT | CAGGGCAGCC | CAAGATCTGT | 2220 |
| GCGAGGAGGC | CCTGCGGCAC | TATGAGGACT | TCCCCAAGCT | GTGGATGATG | AAGGGGCAGA | 2280 |
| TCGAGGAGCA | GAAGGAGATG | ATGGAGAAGG | CGCGGGAAGC | CTATAACCAG | GGGTTGAAGA | 2340 |
| AGTGTCCCCA | CTCCACACCC | CTGTGGCTTT | TGCTCTCTCG | GCTGGAGGAG | AAGATTGGGC | 2400 |
| AGCTTACTCG | AGCACGGGCC | ATTTTGGAAA | AGTCTCGTCT | GAAGAACCCA | AAGAACCCTG | 2460 |
| GGCTGTGGTT | GGAGTCCGTG | CGGCTGGAGT | ACCGTGCGGG | GCTGAAGAAC | ATCGCAAATA | 2520 |
| CACTCATGGC | CAAGGCGCTG | CAGGAGTGCC | CCAACTCCGG | TATCCTGTGG | TCTGAGGCCA | 2580 |
| TCTTCCTCGA | GGCAAGGCC | CAGAGGAGGA | CCAAGAGCGT | GGATGCCCTG | AAGAAGTGTG | 2640 |
| AGCATGACCC | CCATGTGCTC | CTGGCCGTGG | CCAAGCTGTT | TTGGAGTCAG | CGGAAGATCA | 2700 |
| CCAAGGCCAG | GGAGTGGTTC | CACCGCACTG | TGAAGATTGA | CTCGGACCTG | GGGGATGCCT | 2760 |
| GGGCCTTCTT | CTACAAGTTT | GAGCTGCAGC | ATGGCACTGA | GGAGCAGCAG | GAGGAGGTGA | 2820 |
| GGAAGCGCTG | TGAGAGTGCA | GAGCCTCGGC | ATGGGGAGCT | GTGGTGCGCC | GTGTCCAAGG | 2880 |
| ACATCGCCAA | CTGGCAGAAG | AAGATCGGGG | ACATCCTTAG | GCTGGTGGCC | GGCCGATCA | 2940 |
| AGAACACCTT | CTGATTGAGC | GGTTGCCATG | GCCGGTCTCC | GTGGGGCAGG | GTTGGGCGCG | 3000 |
| ATGTGGAAGG | GCTCTGAGCT | GTGTCCTCCT | TCATTAAAAG | TTTTTATGTC | TCGTGTCAGA | 3060 |
| AAAAAAAAGA | AAAGAAAAAA | GGGGGCGCCC | GGGGGC | | | 3096 |

SSTCPRQPS PSLSAGAAGP AGAFPATLFL HVLPSQPRPS TGKTSRLTP

109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

NIRGNQHLKN RLHERRAARR GSAPPTTPTA EDTERPGAPS WFPLVPNETE RLKELPGMVT 60
AEKKSSEWLH AAAACVHLPS TQDSPRQQLV FTCPPPRTVP GLAPGCRGSA EGASCPISLA120
NSLLLLGPHK RHGRMFLIRQ EHRTPNPSLC LA 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3096 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

GTGPGYPGGL SPPPEAPPLE SAEPLGPAAD LWADVDLTEF DQYLNCSRTR PDAPGLPYHV 60
ALAKLGPRAM SCPEESSLIS ALSDASSAVY YSACISG 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

GLFPAVCPWP ALDLLSGPQW QRGPGPGAGV GDPGLSAVAF WWGAMETGNQ AVGSQRWSLR 60
GEWRAFCFCL VPPHGTWFPG ENERRGEVEN RTFHKG YFLI GCKMLMPRMM IFFPADETIR120
KGLRLWQVGF GAGAETFLSM RTSYSSSWGG AACGMAGEDA LENRPPSVEG PFP 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

GHLRSVFSSP WLCGVSSGLW ACREVAVRQS ALWPCLCPAR GRGLWTSRPS GWGSRSVQAG 60

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

MMLGSLAPDP GSRRHSGQAA LRPRRYPTLW DRCRKRWLRP IFTQLLAHVW LTTRSSPFV 60
SRFLQHQAANT YTSAL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

GASRACAVVG PDPVSSGRLG PRLYSGLRAW EGLAGCQMSC PNSAGLQLPA

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

WDPTLSPVGV LGPGSILGCG PGKGSPGAK

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

MQEAMVKTHF HPTSRRLAY HTLLPIPSEP LFAAPGEHLH QCFVKESYCP PRVLAKEQ 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

GGEPGLRGSG TRPCLQWASW APALEWAAGL GRARRVPNEL S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150

MHLALTSYSI LPVTVVKSRS KINKTFLTNS CTIFSFLPV DEKSGLRQAS YF

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 377 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

LRRFPAQSSP APRRAPEQRP PAGPASAWSS SYPHAPYLGS ARSLSPHKMA DGGSPFLGRR 60
DFVYPSSTRD PSASNGGGSP ARREEKKRKA ARLKFDFQAA SPKELTLQKG DIVYIHKEVD120
KNWLEGEHHG RLGIFPANYV EVLPADDEIPK PIKPPTYQVL EYGEAVAQYT FKGDLEVELS180
FRKGEHICLI RKNVNEWYEG RITGTGRQGI FPASYVQVSR EPRLRLCDDG PQLPTSPRLT240
AAARSARDPS APSALRSPAD PTDLGGQTSP RRTGFSFPTQ EPRPQTQNLG TPGPALSHSR300
GPSHPLDLGT SSPNTSQIHW TPYRAMYQYR PQNEDELELR EGDRVDVMMQ CDDGWVFGVS360
RRTQKFGTFP GNYVAPV 377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```
MLRDLQLQIL RNVTHHVSVT KQLPTSEAVV SAVSEAGASG ITEAQARAIV NSALKLYSQD 60
KTGMVDFALE SGGGSILSTR CSETYETKTA LMSLFGIPLW YFSQSPRVVI QPDIYPGNCW120
AFKGSQGYLV VRLSMMIHPA AFTLEHIPKT LSPTGNISSA PKDFAVYGLE NEYQEEGQLL180
GQFTYDQDGE SLQMFQALKR PDDTAFQIVE LRIFSNWGHP EYTCLYRFRV HGE PVK      236
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

```
MEWSPSASLF NPHIWSTRVD LWLTTYTMLK SSATATTSCQ KVSLANKQLK FKGRSKS 57
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
RPAPAPRCQL PQRPAEARCM LSRCSRLLH VLGLSFLLQT RRPILLCSPR LMKPLVVFVL 60
GGPGAGKGTQ CARIVEKYGY THLSAGELLR DERKNPDSQY GELIEKYIKE GKIVPVEITI120
SLKREMDQT MAANAQKNKF LIDGFPRNQD NLQGWNKTMD GKADVSFVLF FDCNNEICIE180
RCLER GKSSG RSDDNRESLE KRIQTYLQST KPIIDLYEEM GKVKKIDASK SVDEVFDEVV240
QIFDKEG                                     247
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```
IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGPLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
T                                             181
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld 1.2

Ansprüche Nr.: 33-35

Die Patentansprüche 33-35 beziehen sich auf eine unverhältnismässig grosse Zahl möglicher Produkte und deren Verwendungen, welche sich weder im Sinne von Artikel 6 PCT auf die Beschreibung stützen und welche noch im Sinne von Artikel 5 PCT als in der Patentanmeldung als offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und die nötige Offenbarung in einem solchen Masse, dass eine sinnvolle Recherche über den angestrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Für besagt Produkte und deren Verwendung wurde daher keine Recherche durchgeführt.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 1 und 77 beziehen)
2. Ansprüche: 1-36 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 2,
sowie 78-80 beziehen)
3. Ansprüche: 1-37 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 3 und 82 beziehen)
4. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 4 und 83 beziehen)
5. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 5 und 84 beziehen)
6. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 10 und 85 beziehen
)
7. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 11 und 87 beziehen
)
8. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 12 und 88 beziehen
)
9. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 13 und 89 beziehen
)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

10. Ansprüche: 1-3 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 14 und 19 beziehen
)

11. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 15 und 91 beziehen
)

12. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 18 und 92 beziehen
)

13. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 19 und 93 beziehen
)

14. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 21 und 95 beziehen)

15. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 22 und 96 beziehen
)

16. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 23 und 97 beziehen
)

17. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 24 sowie 98 und 99
beziehen)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

18. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 25 sowie 100 -
103 beziehen)
19. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 28 und 104 beziehe
n)
20. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 30 sowie 105 -
107 beziehen)
21. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 31 und 108 beziehe
n)
22. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 34 und 112 beziehe
n)
23. Ansprüche: 1-37 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 37 und 113 beziehe
n)
24. Ansprüche: 1-36 (teilweise ,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 42 und 114 beziehen
)
25. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 43 und 115 -
117 beziehen)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

26. Ansprüche: 1-37 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 45 und 119 beziehe
n)

27. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 48 und 122 beziehe
n)

28. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 50 sowie 124 und 1
25 beziehen)

29. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 51 und 126 beziehe
n)

30. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 53 und 128 beziehe
n)

31. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 54 und 129 beziehe
n)

32. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 57 und 131 beziehe
n)

33. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 58 sowie 132 und 1

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

33 beziehen)

34. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 59 und 135 beziehe
n)

35. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 60 und 137 beziehe
n)

36. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 61 und 138 beziehe
n)

37. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 62 sowie 139 -
141 beziehen)

38. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 63 sowie 142 -
145 beziehen)

39. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 64 und 146 beziehe
n)

40. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 65 und 147 beziehe
n)

41. Ansprüche: 1-36 (teilweise,

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 68 und 148 beziehe
n)

42. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 69 sowie 149 und 1
50 beziehen)

43. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 71 und 151 beziehe
n)

44. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 72 sowie 152 -
156 beziehen)

45. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 74 und 157 beziehe
n)

46. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 76 sowie 158 -
160 beziehen)

47. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 161 sowie 179 -
181 beziehen)

48. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 162 sowie 182 und
183 beziehen)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

49. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 163 und 184 beziehen)
50. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 164 sowie 185 und 186 beziehen)
51. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 165 sowie 187 und 188 beziehen)
52. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 166 und 189 beziehen)
53. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 167 sowie 190 und 191 beziehen)
54. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 168 und 192 beziehen)
55. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 169 sowie 193 und 194 beziehen)
56. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 170 sowie 195 und 196 beziehen)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

57. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 171 sowie 197 und
198 beziehen)
58. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 172 und 199 bezieh
en)
59. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 173 und 200 bezieh
en)
60. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 174 und 201 bezieh
en)
61. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 175 sowie 202 und
203 beziehen)
62. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 176 sowie 204 und
205 beziehen)
63. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 177 sowie 206 und
207 beziehen)
64. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 178 sowie 208 und
209 beziehen)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

09/646569

428 Rec'd PCT/PTO 20 SEP 2000

WORLD INTELLECTUAL PROPERTY ORGANIZATION

PCT

International Office

INTERNATIONAL APPLICATION PUBLISHED ACCORDING TO THE

INTERNATIONAL PATENT COOPERATION TREATY (PCT)

(51) International Patent Classification⁶:

C12N 15/00

A2

(11) International Publication Number: WO 99/47655

(43) International Publication Date: September 23, 1999 (9/23/99)

(21) International File Number: PCT/DE99/00909

(22) International Application Date: March 19, 1999 (3/19/99)

(30) Priority Data: 198 13 835.0 March 20, 1998 (3/20/98) DE

(71) Applicant (for all designated countries except US): METAGEN
GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63,
D-14195 Berlin (DE).

(72) Inventors; and

(75) Inventors/applicants (only for US): SPECHT, Thomas [DE/DE];
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd
[DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT,
Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE).
PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-
01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-
Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André
[DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(81) Designated countries: JP, US, European patent (AT, BE, CH,
CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).



Published

Without international search report and to be republished
after receipt of the report.

(54) **Title:** HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM NORMAL BREAST
TISSUE

(57) **Abstract**

Human nucleic acid sequences -- mRNA, cDNA, genomic
sequences -- from breast tissue, which code for gene products or
parts thereof, and their use, are described. In addition, the
polypeptides that can be obtained by way of the sequences and
their use are described.



FOR INFORMATION ONLY

Codes used for identifying PCT member countries on the head sheets of the publications of international applications according to the PCT.

| | |
|----|---------------------------------------|
| AL | Albania |
| AM | Armenia |
| AT | Austria |
| AU | Australia |
| AZ | Azerbaijan |
| BA | Bosnia-Herzegovina |
| BB | Barbados |
| BE | Belgium |
| BF | Burkina Faso |
| BG | Bulgaria |
| BJ | Benin |
| BR | Brazil |
| BY | Belarus |
| CA | Canada |
| CF | Central African Republic |
| CG | Congo |
| CH | Switzerland |
| CI | Ivory Coast |
| CM | Cameroon |
| CN | China |
| CU | Cuba |
| CZ | The Czech Republic |
| DE | Germany |
| DK | Denmark |
| EE | Estonia |
| ES | Spain |
| FI | Finland |
| FR | France |
| GA | Gabon |
| GB | United Kingdom |
| GE | Georgia |
| GH | Ghana |
| GN | Guinea |
| GR | Greece |
| HU | Hungary |
| IE | Ireland |
| IL | Israel |
| IS | Iceland |
| IT | Italy |
| JP | Japan |
| KE | Kenya |
| KG | Kyrgyzstan |
| KP | Democratic People's Republic of Korea |
| KR | Republic of Korea |
| KZ | Kazakhstan |

| | |
|----|--|
| LC | St. Lucia |
| LI | Liechtenstein |
| LK | Sri Lanka |
| LR | Liberia |
| LS | Lesotho |
| LT | Lithuania |
| LU | Luxembourg |
| LV | Latvia |
| MC | Monaco |
| MD | Republic of Moldova |
| MG | Madagascar |
| MK | the former Yugoslavian Republic of Macedonia |
| ML | Mali |
| MN | Mongolia |
| MR | Mauritania |
| MW | Malawi |
| MX | Mexico |
| NE | Niger |
| NL | The Netherlands |
| NO | Norway |
| NZ | New Zealand |
| PL | Poland |
| PT | Portugal |
| RO | Romania |
| RU | Russian Federation |
| SD | Sudan |
| SE | Sweden |
| SG | Singapore |
| SI | Slovenia |
| SK | Slovakian Republic |
| SN | Senegal |
| SZ | Swaziland |
| TD | Chad |
| TG | Togo |
| TJ | Tajikistan |
| TM | Turkmenistan |
| TR | Turkey |
| TT | Trinidad and Tobago |
| UA | The Ukraine |
| UG | Uganda |
| US | United States of America |
| UZ | Uzbekistan |
| VN | Vietnam |
| YU | Yugoslavia |
| ZW | Zimbabwe |

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

NOTIFICATION OF ELECTION

(PCT Rule 61.2)

From the INTERNATIONAL BUREAU

To:

Assistant Commissioner for Patents
United States Patent and Trademark
Office
Box PCT
Washington, D.C.20231
ÉTATS-UNIS D'AMÉRIQUE

in its capacity as elected Office

| | |
|---|---|
| Date of mailing (day/month/year) 23 November 1999 (23.11.99) | |
| International application No. PCT/DE99/00909 | Applicant's or agent's file reference 51572AWOM1XX24-P |
| International filing date (day/month/year) 19 March 1999 (19.03.99) | Priority date (day/month/year) 20 March 1998 (20.03.98) |
| Applicant SPECHT, Thomas et al | |

1. The designated Office is hereby notified of its election made:



in the demand filed with the International Preliminary Examining Authority on:

08 October 1999 (08.10.99)



in a notice effecting later election filed with the International Bureau on:

2. The election ☒ was

was not

made before the expiration of 19 months from the priority date or, where Rule 32 applies, within the time limit under Rule 32.2(b).

| | |
|--|---|
| <p>The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland</p> <p>Facsimile No.: (41-22) 740.14.35</p> | <p>Authorized officer</p> <p>Antonia Muller</p> <p>Telephone No.: (41-22) 338.83.38</p> |
|--|---|

PATENT COOPERATION TREATY

RECEIVED

PCT

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

(PCT Article 36 and Rule 70)

JAN 11 2001

TECH CENTER 1600/2900

| | | |
|--|---|--|
| Applicant's or agent's file reference 51572AWOM1XX24-P | FOR FURTHER ACTION See Notification of Transmittal of International Preliminary Examination Report (Form PCT/IPEA/416) | |
| International application No. PCT/DE99/00909 | International filing date (day/month/year) 19 March 1999 (19.03.99) | Priority date (day/month/year) 20 March 1998 (20.03.98) |
| International Patent Classification (IPC) or national classification and IPC C12N 15/00 | | |
| Applicant METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH | | |

1. This international preliminary examination report has been prepared by this International Preliminary Examining Authority and is transmitted to the applicant according to Article 36.
2. This REPORT consists of a total of 6 sheets, including this cover sheet.

☐ This report is also accompanied by ANNEXES, i.e., sheets of the description, claims and/or drawings which have been amended and are the basis for this report and/or sheets containing rectifications made before this Authority (see Rule 70.16 and Section 607 of the Administrative Instructions under the PCT).

These annexes consist of a total of _____ sheets.

3. This report contains indications relating to the following items:

- I ☒ Basis of the report
- II ☐ Priority
- III ☒ Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability
- IV ☐ Lack of unity of invention
- V ☒ Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement
- VI ☐ Certain documents cited
- VII ☐ Certain defects in the international application
- VIII ☒ Certain observations on the international application

| | |
|--|--|
| Date of submission of the demand 08 October 1999 (08.10.99) | Date of completion of this report 26 July 2000 (26.07.2000) |
| Name and mailing address of the IPEA/EP | Authorized officer |
| Facsimile No. | Telephone No. |

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/00909

I. Basis of the report

1. This report has been drawn on the basis of (Replacement sheets which have been furnished to the receiving Office in response to an invitation under Article 14 are referred to in this report as "originally filed" and are not annexed to the report since they do not contain amendments.):

☐ the international application as originally filed.

☒ the description, pages 1-243, as originally filed,
pages _____, filed with the demand,
pages _____, filed with the letter of _____
pages _____, filed with the letter of _____

☒ the claims, Nos. 1-37, as originally filed,
Nos. _____, as amended under Article 19,
Nos. _____, filed with the demand,
Nos. _____, filed with the letter of _____,
Nos. _____, filed with the letter of _____

☒ the drawings, sheets/fig 1/10-10/10, as originally filed,
sheets/fig _____, filed with the demand,
sheets/fig _____, filed with the letter of _____,
sheets/fig _____, filed with the letter of _____

2. The amendments have resulted in the cancellation of:

☐ the description, pages _____

☐ the claims, Nos. _____

☐ the drawings, sheets/fig _____

3. ☐ This report has been established as if (some of) the amendments had not been made, since they have been considered to go beyond the disclosure as filed, as indicated in the Supplemental Box (Rule 70.2(c)).

4. Additional observations, if necessary:

RECEIVED

JAN 11 2001

TECH CENTER 1600/2900

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/00909

III. Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability

The questions whether the claimed invention appears to be novel, to involve an inventive step (to be non obvious), or to be industrially applicable have not been examined in respect of:

- ☐ the entire international application.
- ☒ claims Nos. 1-32(partially), 33-35, 36(partially), 37.

because:

- ☐ the said international application, or the said claims Nos. _____
relate to the following subject matter which does not require an international preliminary examination (*specify*):

- ☐ the description, claims or drawings (*indicate particular elements below*) or said claims Nos. _____
are so unclear that no meaningful opinion could be formed (*specify*):

- ☐ the claims, or said claims Nos. _____ are so inadequately supported
by the description that no meaningful opinion could be formed.

- ☒ no international search report has been established for said claims Nos. 1-32(partially), 33-35, 36(partially), 37.

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/00909

I. Basis of the report

1. This report has been drawn on the basis of *(Replacement sheets which have been furnished to the receiving Office in response to an invitation under Article 14 are referred to in this report as "originally filed" and are not annexed to the report since they do not contain amendments.)*:

A sequence protocol comprising pages 108-243 of the description (SEQ. ID. Nos. 1-209) is part of the application.

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/00909

V. Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement

1. Statement

| | | | |
|-------------------------------|--------|--------------------------|-----|
| Novelty (N) | Claims | 5, 6, 11-21, 25-31 | YES |
| | Claims | 1-3, 7-10, 22-24, 32, 36 | NO |
| Inventive step (IS) | Claims | | YES |
| | Claims | 1-32, 36 | NO |
| Industrial applicability (IA) | Claims | 1-32, 36 | YES |
| | Claims | | NO |

2. Citations and explanations

The following examination refers to Claims 1-32 and 36, insofar as they concern SEQ. ID. Nos. 1 and 77.

Novelty (PCT Article 33(2))

Claim 1 concerns nucleic acid fragments that code for a gene product or section thereof. The claim is therefore understood to refer to the entire sequence contained in SEQ. ID. No. 1, but also to sections thereof. This also applies to protein Claims 22-24. Claims 1-3, 7-10, 22-24, 32 and 36 are therefore anticipated by D1 (Marra, M. et al.: 'WashU-HHMI Mouse EST Project': vv29e04.r1 Stratagene mouse heart; Mus musculus cDNA clone 1223838 5", EMBL DATABASE ENTRY AA667452; ACCESSION NUMBER AA667452, 20 November 1997), D2 (Marra, M. et al.: 'The WashU-HHMI Mouse EST Project': ms06e09.r1 Stratagene mouse skin; Mus musculus cDNA clone 606184 5', EMBL DATABASE ENTRY MMAA145515; ACCESSION NUMBER AA145515, 14 December 1996) and D3 (Marra, M. et al.: 'The WashU-HHMI Mouse EST Project': vq19c08.r1 Barstead stromal cell line MPLRB8; Mus musculus cDNA clone 1094702 5', EMBL DATABASE ENTRY AA869913; ACCESSION NUMBER AA869913, 17 March 1998) (PCT Article 33(2)).

D1, D2 and D3 are ESTs which overlap with the following

sections of SEQ. ID. Nos. 1 or 77:

D1: amino acids 1-191 of D1 are 96.3% identical to amino acids 104-295 of SEQ. ID. No. 77. Base pairs 1-574 are 86.8% identical to base pairs 308-882 of SEQ. ID. No. 1. The cited nucleic acid fragment in D1 codes for part of SEQ. ID. No. 1 and also indirectly describes a complementary or hybridising fragment. The fact that it was isolated from heart tissue and not from breast tissue is irrelevant to the nature of the fragment. The nucleic acid fragment codes for a biologically active polypeptide, the biological activity of which can be, for example, immunoreactivity.

D2: amino acids 15-133 of D2 are 99.2% identical to amino acids 1-118 of SEQ. ID. No. 77.

D3: amino acids 5-158 of D3 are 97.4% identical to amino acids 143-295 of SEQ. ID. No. 77.

The subject matter of Claims 5, 6, 11-21 and 25-31 is novel.

Inventive step (PCT Article 33(3))

Even if the novelty of the subject matter of all claims were assumed to be established, Claims 1-32 and 36 of the present application would not meet the requirements of PCT Article 33(3).

The claims concern a cDNA fragment isolated from a cDNA gene bank and a protein that includes the most favourable reading frame that can be derived from said fragment. The application does not give any indication of the expression of this protein or its biological function. As to the cDNA fragment, no relationship is actually shown, for example,

between its under-representation in breast tumour tissue and its possible use as a breast cancer indicator. The application therefore describes only transcribed or translated sequences without any known useful technical property. In this case, any prior art compound, whatever its technical properties, can be taken as the starting point for structural modifications and as the closest prior art. Consequently, the application addresses the problem of providing further compounds and extracts some of the many possibilities for solving this problem, that is SEQ. ID. Nos. 1 or 77 and their variants. However, this selection is arbitrary because it is not based on a technical effect resulting from the structural modifications. No inventive step can be acknowledged in such a selection. The subject matter of Claims 1-10, 22-24, 31, 32 and 36 therefore does not meet the requirements of PCT Article 33(3).

The use of the nucleic acid fragments in expression cartridges, host cells and antibodies derived from the coded polypeptides, and the use of the nucleic acid fragments for producing, for example, full-length genes, to name only some of the additional features of the further claims, are features that are known per se. Consequently, these claims can only be considered inventive in connection with novel and inventive nucleic acid fragments or polypeptides. In view of the above, however, no inventive step can be acknowledged in the subject matter of Claims 11-21 and 25-30 either.

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/00909

VIII. Certain observations on the international application

The following observations on the clarity of the claims, description, and drawings or on the question whether the claims are fully supported by the description, are made:

An invention should normally provide a solution to a problem. In the present application, however, the "invention" is neither disclosed nor clearly defined in the claims, and the reader is therefore faced with the task of carrying out the invention and determining the problem solved by the hypothetical nucleic acid and polypeptide fragments. Consequently, the application does not meet the requirements of PCT Articles 5 and 6.



PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

| | | |
|--|---|--|
| (51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00 | A3 | (11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47655 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99) |
| (21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00909 (22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99) (30) Prioritätsdaten: 198 13 835.0 20. März 1998 (20.03.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE). | (81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i> (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenbe- richts: 6. Juli 2000 (06.07.00) | |
| | | (54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID FRAGMENTS WITH HEIGHTENED EXPRESSION IN NORMAL BREAST TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSAEUREFRAGMENTE, DEREN EXPRESSION IN BRUSTNORMALGEWEBE- ERHÖHT IST (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences from breast tissue, coding for genetic products or parts thereof and to the use thereof. The invention also relates to polypeptides which can be obtained from said sequences and to the use thereof. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben. |

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

| | | | | | | | |
|----|------------------------------|----|-----------------------------------|----|---|----|--------------------------------|
| AL | Albanien | ES | Spanien | LS | Lesotho | SI | Slowenien |
| AM | Armenien | FI | Finnland | LT | Litauen | SK | Slowakei |
| AT | Österreich | FR | Frankreich | LU | Luxemburg | SN | Senegal |
| AU | Australien | GA | Gabun | LV | Lettland | SZ | Swasiland |
| AZ | Aserbaidshan | GB | Vereinigtes Königreich | MC | Monaco | TD | Tschad |
| BA | Bosnien-Herzegowina | GE | Georgien | MD | Republik Moldau | TG | Togo |
| BB | Barbados | GH | Ghana | MG | Madagaskar | TJ | Tadschikistan |
| BE | Belgien | GN | Guinea | MK | Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien | TM | Turkmenistan |
| BF | Burkina Faso | GR | Griechenland | ML | Mali | TR | Türkei |
| BG | Bulgarien | HU | Ungarn | MN | Mongolei | TT | Trinidad und Tobago |
| BJ | Benin | IE | Irland | MR | Mauretanien | UA | Ukraine |
| BR | Brasilien | IL | Israel | MW | Malawi | UG | Uganda |
| BY | Belarus | IS | Island | MX | Mexiko | US | Vereinigte Staaten von Amerika |
| CA | Kanada | IT | Italien | NE | Niger | UZ | Usbekistan |
| CF | Zentralafrikanische Republik | JP | Japan | NL | Niederlande | VN | Vietnam |
| CG | Kongo | KE | Kenia | NO | Norwegen | YU | Jugoslawien |
| CH | Schweiz | KG | Kirgisistan | NZ | Neuseeland | ZW | Zimbabwe |
| CI | Côte d'Ivoire | KP | Demokratische Volksrepublik Korea | PL | Polen | | |
| CM | Kamerun | KR | Republik Korea | PT | Portugal | | |
| CN | China | KZ | Kasachstan | RO | Rumänien | | |
| CU | Kuba | LC | St. Lucia | RU | Russische Föderation | | |
| CZ | Tschechische Republik | LI | Liechtenstein | SD | Sudan | | |
| DE | Deutschland | LK | Sri Lanka | SE | Schweden | | |
| DK | Dänemark | LR | Liberia | SG | Singapur | | |
| EE | Estland | | | | | | |